

# 生物信息学

生物信息学是生物学与计算机科学的交叉学科，主要研究生物数据的存储、管理、分析和应用。随着高通量测序技术的发展，生物数据量呈爆炸式增长，对生物信息学的需求日益迫切。生物信息学在基因组学、蛋白质组学、代谢组学等领域发挥着重要作用，为揭示生命奥秘、开发新药和诊断疾病提供了有力支持。

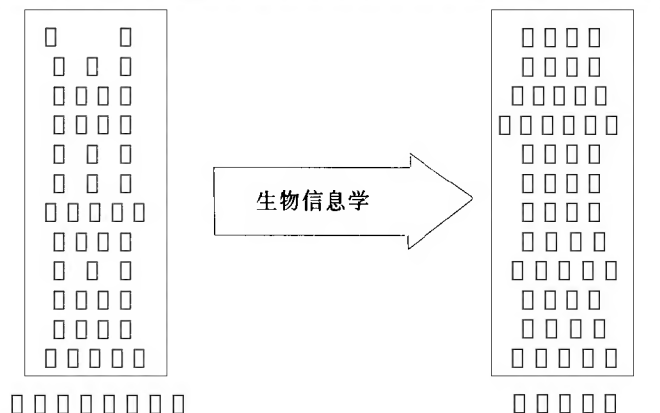


图 1-1 生物信息学分析流程示意图

bioinformatics is a multidisciplinary field that combines biology, computer science, and statistics to analyze and interpret biological data. It plays a crucial role in understanding the complex interactions within living organisms and in the development of new medical treatments. The field has grown rapidly in recent years due to the increasing volume of data generated by high-throughput sequencing technologies and other biological experiments.

bioinformatics is a multidisciplinary field that combines biology, computer science, and statistics to analyze and interpret biological data.

The field of bioinformatics is essential for understanding the complex interactions within living organisms and for the development of new medical treatments. It involves the application of computational techniques to biological data, allowing researchers to identify patterns and relationships that would be difficult to discern through traditional methods. This interdisciplinary approach has led to significant advances in our understanding of the human genome, protein structure, and the mechanisms of disease.

The field of bioinformatics is essential for understanding the complex interactions within living organisms and for the development of new medical treatments. It involves the application of computational techniques to biological data, allowing researchers to identify patterns and relationships that would be difficult to discern through traditional methods. This interdisciplinary approach has led to significant advances in our understanding of the human genome, protein structure, and the mechanisms of disease. The field of bioinformatics is essential for understanding the complex interactions within living organisms and for the development of new medical treatments. It involves the application of computational techniques to biological data, allowing researchers to identify patterns and relationships that would be difficult to discern through traditional methods. This interdisciplinary approach has led to significant advances in our understanding of the human genome, protein structure, and the mechanisms of disease.

bioinformatics is a multidisciplinary field that combines biology, computer science, and statistics to analyze and interpret biological data. It involves the development of algorithms and software tools to process large volumes of data, such as DNA sequences, protein structures, and gene expression data. The field is rapidly growing and has many applications in medicine, agriculture, and environmental science.

The term "bioinformatics" was first used in the 1980s to describe the application of computer technology to biological data. It has since become a well-established field with its own journals, conferences, and professional societies. The field is interdisciplinary, drawing on knowledge from biology, computer science, and statistics. It is a dynamic and exciting area of research that is constantly evolving.

In French, the term "bioinformatics" is often translated as "bioinformatique". However, there is some debate about the correct translation. Some people prefer "bioinformatique" because it is a direct translation of the English term. Others prefer "bio-informatique" or "bio/informatique" because they feel it better reflects the interdisciplinary nature of the field. The French Academy of Sciences has adopted "bioinformatique" as the official term.

bioinformatics  
“ bioinformatics ”

DNA RNA  
—







2D 2D  
 1998 4 83 21  
 (PCR DNA  
 DNA gap  
 100,000

(The Institute for Genomic Research, TIGR 1992  
 Rockville  
 NIH)  
 12 50000  
 DNA  
 TIGR  
 TIGR  
 TIGR  
 TIGR  
 http://www. tigr. org/  
 about/).

TIGR DNA EST  
 (Expressed Sequence Tag EST  
 100,000









☐ ☐

☐ ☐

☐ ☐

☐ ☐

☐ ☐

☐ ☐

☐ ☐

**21**

[illegible][illegible][illegible]



(neural networks , NNs)
 NNs
 HMM (Hidden Markov Model)
 DNA
 500bp
 DNA
 Lander-Waterman





□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□ ATM □□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□

2. □□□□□□ Supercomputers □□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ UNIX □□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□ □ San Diego Super Computer Center, SDSC) (<http://www.sdsc.edu/>) □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□SDSC □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□CRAY C90 □□□□□□CRAY T3E □□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□ 240□□□□ 5100 □□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□

## □□□□□□□□

1997□ 6□ 20□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□

□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ 512□□□□  
CRAY T3E□□□□□□□□□□□□□□□□ 512□□□□ T3E□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□ □ Metacomputing) □□□□□□□□□□ 1024□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□ 6750□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□

INTERNET 100 vBNS (the very high speed Backbone Network Service) 了 6. 22 10 PSC NEWS, <http://www.PSC.edu>).

PC WWW

26

“ ” (0, 1) X Y

A B B C



















- 3 (20), 100-102
2. Fickett Jw. . 1998, 3, (21), 147-152
3. . 1998, 3 (20): 100-103
4. . 1995, 4: 173-175
5. . — 1999, 2 (22): 104-107
6. Altschul SF, et al. Basic Local alignment search tool. J Mol Biol, 1990, 215 (3), 403-410
7. Sussman JL, et al. Protein Data Bank (PDB), database of three dimensional Structural information of biological macromolecules. Acta Crystallogr D Biol Crystallogr, 1998, 54, 1, 1078-1084
8. Bartong J. SCOP, structural classification of protein. Trends Biochem Sci, 1994, 19, 12, 554-555
9. Andreas D. Baxevanis, et al. . 2000: 324-326
10. TIGR releases EST data publicly (news). Nat Biotechnol, 1997, 15 (5), 398







□ 2-1 α-□ □ □ □ □ □ □

□ □ □	□ □ □ □ □	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
□ □ □	A	▲
□ □ □	R	▲
□ □ □ □	N	▲
□ □ □ □	D	▲
□ □ □ □	C	▲
□ □ □	E	▲
□ □ □ □	Q	▲
□ □ □	G	▲
□ □ □	H	▲
□ □ □ □	I	▲
□ □ □	L	▲
□ □ □	K	▲
□ □ □	M	▲
□ □ □ □	F	▲
□ □ □	P	▲
□ □ □	S	▲
□ □ □	T	▲
□ □ □	W	▲
□ □ □	Y	▲
□ □ □	V	▲

▲ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

表 2-2 氨基酸的理化性质

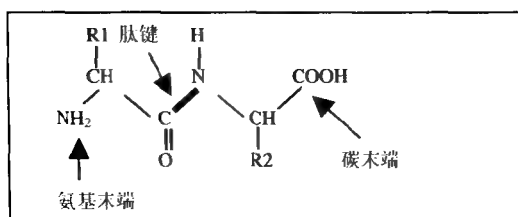
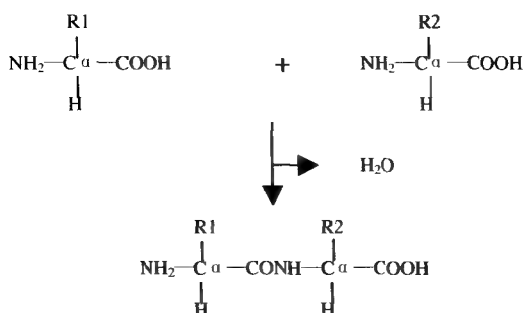
氨基酸	氨基酸	Kyte/Doolittle [1]	Edelman [2]	Eisenberg [3]
丙氨酸	A	1.8	0.4397	0.25
精氨酸	R	-4.5	-0.7010	-1.80
天冬氨酸	N	-3.5	-1.414	-0.64
天冬酰胺	D	-3.5	-2.588	-0.72
谷氨酸	C	2.5	1.150	0.04
谷氨酰胺	E	-3.5	-1.270	-0.62
甘氨酸	Q	-3.5	-1.656	-0.69
缬氨酸	G	-0.4	-0.8634	0.16
亮氨酸	H	-3.2	0.0268	-0.40
异亮氨酸	I	4.5	1.546	0.73
苯丙氨酸	L	3.8	1.517	0.53
酪氨酸	K	-3.9	-1.502	-1.10
丝氨酸	M	1.9	1.746	0.26
苏氨酸	F	2.8	0.4345	0.61
半胱氨酸	P	-1.6	-1.721	-0.07
脯氨酸	S	-0.8	-0.3841	-0.26
色氨酸	T	-0.7	-0.0078	-0.18
组氨酸	W	-0.9	-0.0638	0.37
缬氨酸	Y	1.3	-0.4585	0.02
亮氨酸	V	4.2	0.5056	0.54



2. 氨基酸

(1) 氨基酸

氨基酸是组成蛋白质的基本单位。氨基酸的命名是根据其侧链(R基)的性质来命名的。氨基酸的通式如下(2-2)所示。氨基酸的命名是根据其侧链(R基)的性质来命名的。氨基酸的通式如下(2-2)所示。

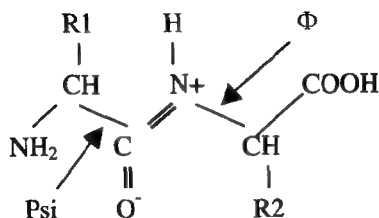


2-2 氨基酸的命名是根据其侧链(R基)的性质来命名的。氨基酸的通式如下(2-2)所示。氨基酸的命名是根据其侧链(R基)的性质来命名的。氨基酸的通式如下(2-2)所示。

(2) 氨基酸

氨基酸的命名是根据其侧链(R基)的性质来命名的。氨基酸的通式如下(2-3)所示。氨基酸的命名是根据其侧链(R基)的性质来命名的。氨基酸的通式如下(2-3)所示。

的  $\Omega$  角为  $180^\circ$  或  $0^\circ$ 。  
 在  $\Omega = 180^\circ$  时，肽键的  $\text{C}=\text{N}$  键与  $\text{C}-\text{O}$  键共线， $\Omega = 0^\circ$  时， $\text{C}=\text{N}$  键与  $\text{C}-\text{O}$  键垂直。



2-3 图中  $\psi$  角为  $180^\circ$ ， $\phi$  角为  $0^\circ$ 。Ramachandran 图  $\phi$  角为  $0^\circ$ ， $\alpha$  角为  $180^\circ$ 。N-H 键与  $\text{C}=\text{O}$  键垂直。

(3) 肽键

肽键的  $\alpha$ -角为  $180^\circ$ ， $\psi$ -角为  $0^\circ$ 。在  $\alpha$ -角为  $180^\circ$  时，肽键的  $\text{C}=\text{O}$  键与  $\text{C}-\text{N}$  键共线， $\psi$ -角为  $0^\circ$  时， $\text{C}=\text{O}$  键与  $\text{C}-\text{N}$  键垂直。

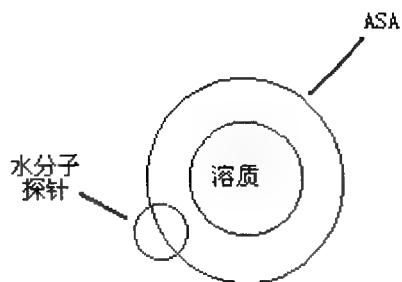
### 3. 肽键的旋转

肽键的  $\alpha$ -角为  $180^\circ$ ， $\psi$ -角为  $0^\circ$ 。在  $\alpha$ -角为  $180^\circ$  时，肽键的  $\text{C}=\text{O}$  键与  $\text{C}-\text{N}$  键共线， $\psi$ -角为  $0^\circ$  时， $\text{C}=\text{O}$  键与  $\text{C}-\text{N}$  键垂直。

2-4)。







2-5

$\alpha$

(4) ☐ ☐ ☐ ☐

[illegible]

(5) ☐ ☐ ☐

[illegible]

1 1 1 1 1 1

□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □



□ □ □ □ □ □ □ □ □ □

6.    [illegible][illegible]

[illegible]

Gregor Mendel 的豌豆实验为遗传学奠定了基础。DNA 的发现始于 1944 年 Oswald Avery、Alfred Hershey 和 Margaret Chase Miescher 的工作。75 年后，James Watson 和 Sir Francis Crick 在 1953 年 4 月 5 日发表了《DNA 的分子结构》。M. Wilkins 和 R. Franklin 也参与了 DNA 的发现。X 射线衍射技术在这一过程中起到了关键作用。

DNA 是由脱氧核糖、磷酸基团和含氮碱基组成的。含氮碱基分为嘌呤和嘧啶。RNA 则由核糖、磷酸基团和含氮碱基组成。含氮碱基包括腺嘌呤 (A)、鸟嘌呤 (G)、胞嘧啶 (C) 和尿嘧啶 (U)。DNA 的含氮碱基还包括胸腺嘧啶 (T)。DNA 和 RNA 都是遗传信息的载体。

DNA 的复制是一个复杂的过程，涉及多种酶的参与。A 与 T 配对，G 与 C 配对。DNA 的复制确保了遗传信息的传递。

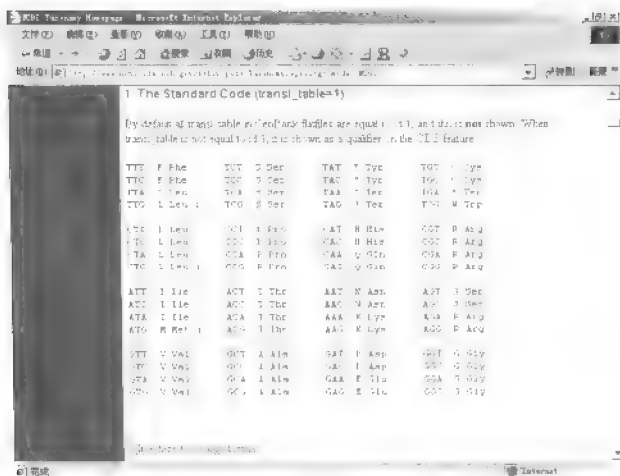
参考文献

Watson, J. D., & Crick, F. H. C. (1953). The structure of DNA. *Nature*, 171(4381), 38-40. DNA, RNA 的发现是生物学史上的重要里程碑。



“ ” DNA . -- DNA -

20 3 2-6)



2-6 NCBI


RNA 计 RNA RNA





[illegible]

- ☐ ☐ ☐



• □ □ □ □ □ □ □

[illegible]

□  
 □  
 □  
 □  
 □。





☐ ☐

☐ ☐

☐ ☐

☐ ☐

☐ ☐

☐ ☐

☐ ☐

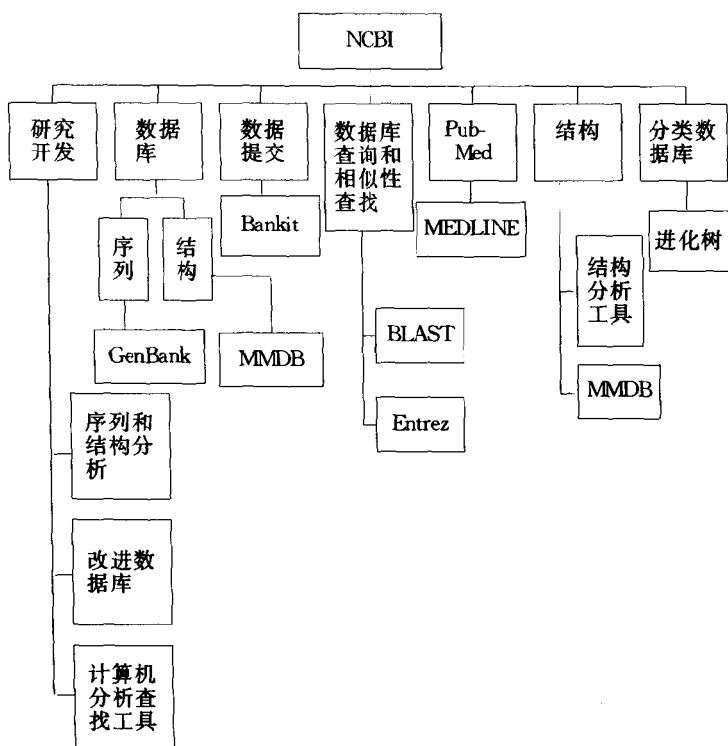
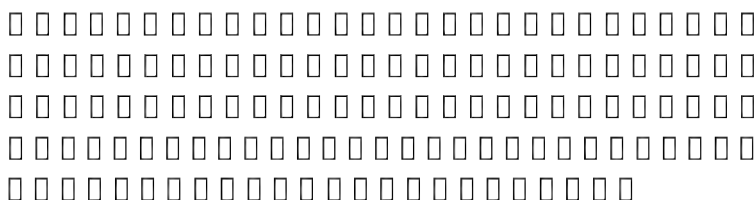
☐ ☐ ☐ ☐ ☐

□ 3-1 □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

NCBI EBI







**3-2**

□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ NCBI □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

- 1.**

(1) PIR PIR1+PIR2+PIR3

(2) NR, SWISS-PROT, PDB)

2. DNA RNA) DNA RNA  
GenBank) dbEST)

(1) [dbEST)

(2) GenBank)

DNA  
—  
DNA  
alu

NCBI

• Alu alu





(2) BLAST(Basic Local Alignment Search Tool)

(3) Entrez

(4) BankIt

(5) OMIM(Online Mendelian Inheritance in Man)

(6) Taxonomy

(7) Structure

(8) Books

### 1. PubMed

PubMed 是 由 美 国 国 立 医 学 研 究 所 (NLM) 提 供 的 一 个 免 费 的 生 物 医 学 文 献 搜 索 工 具 。 它 包 含 了 MEDLINE 和 pre-MEDLINE 等 数 据 库 ， 目 前 已 有 11,000,000 多 条 文 献 记 录 。 2002 年 1 月 起 ， 该 工 具 将 能 够 对 文 献 进 行 全 文 搜 索 ， 这 将 大 大 提 高 搜 索 的 精 确 度 和 效 率 。 此 外 ， 该 工 具 还 提 供 了 文 献 的 摘 要 和 关 键 词 等 信 息 ， 用 户 可 以 根 据 需 要 进 行 选 择 和 筛 选 。

### 2. BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)

BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) 是 一 个 用 于 生 物 信 息 学 中 的 搜 索 工 具 。 它 可 以 对 一 段 DNA 序 列 进 行 搜 索 ， 找 出 与 该 序 列 最 接 近 的 其 他 序 列 。

### 3. Entrez

Entrez 是 一 个 用 于 生 物 信 息 学 中 的 搜 索 工 具 。 它 可 以 对 一 段 DNA 序 列 进 行 搜 索 ， 找 出 与 该 序 列 最 接 近 的 其 他 序 列 。 此 外 ， 该 工 具 还 提 供 了 文 献 的 摘 要 和 关 键 词 等 信 息 ， 用 户 可 以 根 据 需 要 进 行 选 择 和 筛 选 。



Entrez 数据库

Wu M apoptosis 数据库  
Wu M apoptosis 数据库  
“Wu M” apoptosis 数据库  
Entrez 数据库  
Entrez 数据库  
“ brca 1”) NCBI 数据库  
Entrez 数据库  
Entrez 数据库

MEDLINE 数据库  
UID 数据库  
GI 数据库  
MEDLINE 数据库  
UID88067898 数据库  
Entrez 数据库  
UID88067898 数据库  
UID 数据库  
MEDLINE 数据库

Entrez 数据库

• Keyword 数据库  
NCBI 数据库  
GenBank、EMBL、PDB、DDBJ、  
SWISS-PROT、PIR 数据库

• Accession 数据库

• Author Name 数据库  
MEDLINE 数据库

• Affiliation 数据库

```

• Journal Title 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
0 0 0 List Terms 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 the Journal of
Biological Chemistry 0 0 0 J Biol Chem) 0 0 0 0 0 0
• E. C. Number 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
• Feature Key 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 DNA 0 0 0 0 0 0 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0
• Gene Symbol 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
• MEDLINE UID 0 MEDLINE 0 0 0 0 0 0 0 0
• MeSH Terms 0 0 0 0 MeSH 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
MEDLINE 0 0 0 0 0 0 0 0
• MeSH Major Topic 0 0 0 0 0 0 MeSH 0 0 0 0 0 0 0 0
0 0 0 0 0 0
• Publication Date 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
0 0
• Modification Date 0 0 0 0 0 0 Entrez 0 0 0 0
• Page Number 0 0 0 0 0 0 0 0
• Property 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
• PubMed ID 0 0 0 0 0 0 PubMed 0 0 0 0
• Organism 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
• Protein Name 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
0 0 0
• SeqId 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
• Substance 0 0 0 Chemical Abstract Service (CAS 0 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
• Title Words 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
• Text Words 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 “free
text”) 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0 MEDLINE 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0

```









- (2) Clusters of Orthologous Groups
- (3) Coffee Break
- (4) Electronic PCR
- (5) Gene Expression Omnibus
- (6) Genes and disease
- (7) Human genome resources
- (8) Human map viewer
- (9) Human/mouse homology maps
- (10) LocusLink
- (11) Malaria genetics & genomic
- (12) ORF finder
- (13) Reference sequence project
- (14) Retrovirus resources
- (15) Serial analysis of gene expression
- (16) SKY/CGH database
- (17) Trace archive
- (18) UniGene
- (19) VecScreen

#### 1. Cancer Genome Anatomy Project

The Cancer Genome Anatomy Project, CGAP is a collaborative effort of the National Cancer Institute, NCI and the National Center for Biotechnology Information, NCBI. The project is a part of the Human Genome Project and is focused on the identification and characterization of human tumor genes. The project is a part of the Human Genome Project and is focused on the identification and characterization of human tumor genes. The project is a part of the Human Genome Project and is focused on the identification and characterization of human tumor genes.

(ESTs) 数据库 (SNPs 数据库) (http://cgap.nci.nih.gov/)

NCBI 的 NCI 数据库 (EST) 数据库 dbEST 数据库 UniGene 数据库 HomoloGene 数据库 LocusLink 数据库, NCBI 的 NCI 数据库 EST 数据库 CGAP 数据库 CGAP 数据库 NCBI 数据库 CGAP 数据库 CGAP 数据库 NCBI 数据库 — 数据库 Digital Differential Display) 数据库 cDNA 数据库

Serial Analysis of Gene Expression, SAGE) CGAP 数据库 NCBI 数据库 SAGE 数据库 SAGE 数据库 Gene Expression Omnibus 数据库

CGAP 数据库 8 数据库

#### (1) Genes

CGAP 数据库 Gene info 数据库 NCBI 的 NCI 数据库 UniGene、LocusLink、OMIM、DTP search、cDNA Libraries、Cluster Assemblies 数据库 SNPs 数据库 Mitelman 数据库 IMAGE (Integrated Molecular Analysis of Genomes and their Expression) 数据库 MGC (Mammalian









Gene Expression Omnibus            

microarray high-density oligonucleotide array, HDA) hybridization filter (Serial Analysis of Gene Expression, SAGE)

## 6. Genes and disease

NCBI 73 PubMed, LocusLink OMIM <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/disease/>。

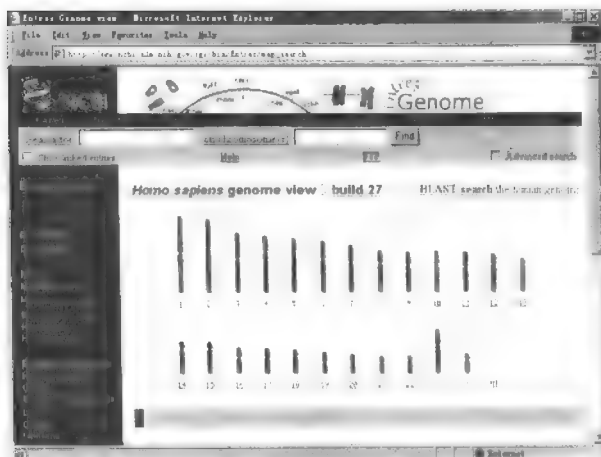
NCBI <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/disease/Cancer.html>

- BRCA-1 (17) BRCA-2 (13)
- Burkitt myc (8)
- BCR (22) ABL (9)
- MLH1 (3) MSH2 MSH6 (2)
- SCLC1 (3)
- CDKN2 (9)
- MEN1 (11)
- NF2 (22)
- p53 17
- DPC4 (SMAD4) 18
- HPC1 1

- GenBank  
 PubMed OMIM

Human map viewer

Human map viewer



3-5 Human map viewer





95% 9-10bp Johns Hopkins RNA cDNA cDNA, 3' cDNA 3' PCR DNA 3' NCBI SAGE UniGene SAGE UniGene UniGene SAGE UniGene SAGE <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/SAGE/>

#### 16. SKY/CGH database

(Spectral Karyotyping, SKY) Comparative Genomic Hybridization, CGH DNA DNA (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sky/>)

#### 17. Trace archive

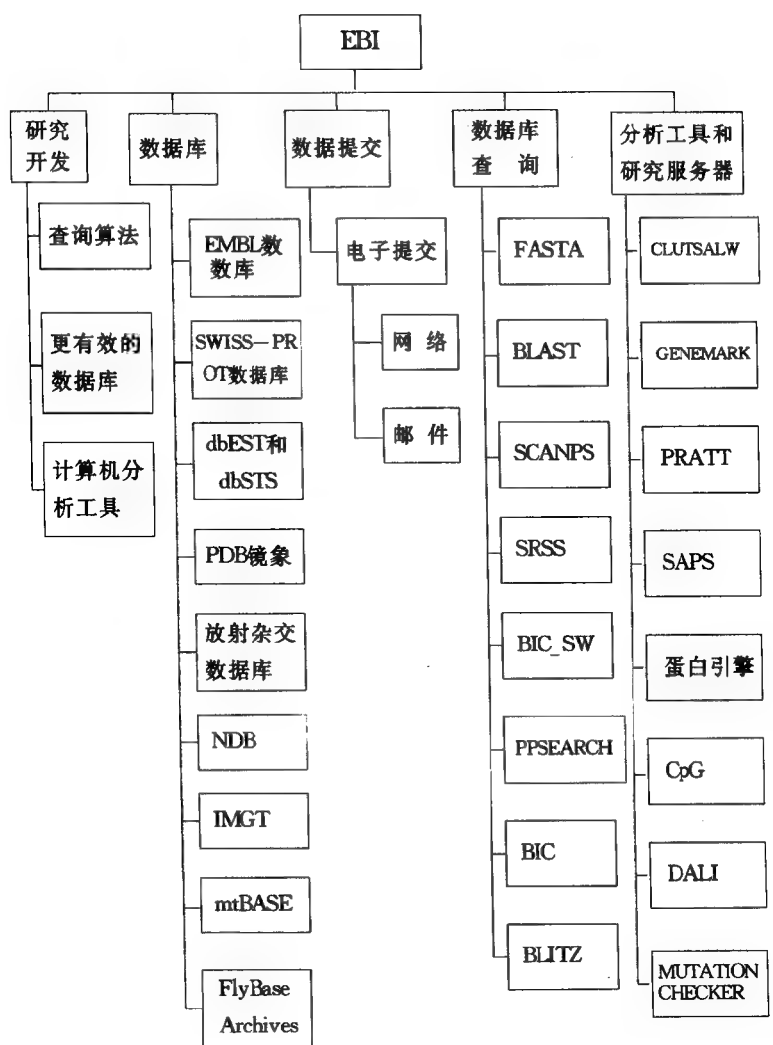
Trace archive

#### 18. UniGene

EST (expressed sequence tag, EST) cDNA



- □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
- □ □ □ □ □ □ □ □





EBI 数据库提供多种生物信息资源，包括基因组数据、蛋白质数据、文献数据等。EBI 数据库是生物信息学领域的重要资源之一，为研究人员提供便捷的数据检索和下载服务。

- 基因组数据
- 蛋白质数据
- 文献数据

EBI 数据库提供多种生物信息资源，包括基因组数据、蛋白质数据、文献数据等。

- 基因组数据
- 蛋白质数据
- FASTA 和 BLITZ
- 文献数据
- FTP 数据库
- 数据库

EBI 数据库提供多种生物信息资源，包括基因组数据、蛋白质数据、文献数据等。

EBI 数据库提供多种生物信息资源，包括基因组数据、蛋白质数据、文献数据等。3-1。

3-1 EBI 数据库提供多种生物信息资源，包括基因组数据、蛋白质数据、文献数据等。

数据库名称	说明
<b>核苷酸序列数据库</b>	
Simple Queries	应用 SRS (Simple query retrieval) 检索系统简单检索数据库
EMBL database	EMBL 核酸数据库
EMBL-Align database	EMBL-Align 多序列排列数据库
Ensembl	自动注解的真核生物基因组
DbEST and dbSTS Queries	查询 dbEST 和 dbSTS 的工具
EMEST	EMBL 的 EST 序列数据库
EuroGeneIndexes	EST 经排列后总结成基因簇的数据库
MitBase	线粒体 DNA 数据库
IMGT	ImMunoGeneTics 数据库
EDGP	欧洲果蝇基因组计划数据库

数据库名称	说明
Parasites	寄生虫基因组数据库
Mutations	序列变异数据库计划
Genomes Server	由 EBI 完成的基因组数据总库
Genome MOT	基因组监测表
<b>蛋白质序列数据库</b>	
SWISS-PROT、TrEMBL、InterPro、etc	SWISS-PROT、TrEMBL 和 InterPro 等蛋白序列数据库
CluSTr	将 SWISS-PROT 和 TrEMBL 中的蛋白自动分类为相关的分组
<b>序列结构分类数据库</b>	
DSSP	二级结构数据库
HSSP	经同源分析方法得出二级结构数据库
FSSP	基于结构比较的折叠分类数据库
DALI	蛋白质结构、结构域词典
3Dee	蛋白质结构域定义数据库
<b>大分子结构数据库</b>	
EBI-MSD	EBI 大分子结构数据库, 包括 PDB 搜索工具
NDB; EBI Mirror	EBI 的镜像站点, 暂时未提供
<b>序列作图数据库</b>	
RHdb	放射杂交数据库
GenomeMaps 98	人类基因组图谱 98
<b>档案 (Archives)</b>	
Software Biocatalog	分子生物学软件的路径
FlyBase Archives	果蝇基因组档案库
EBI ftp server	EBI 的数据库和软件 FTP 下载服务器
BioWorld	互联网中的生物信息学和分子生物学资源

□ EBI □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ <http://www.ebi.ac.uk/> □ □ □

## 1. EMBL

EMBL DNA RNA  
NCBI GenBank  
DNA DBJ EMBL  
EMBL EMBL

### (1) EMBL

- 
- 
- 
- 
- $\alpha$   $\beta$
- EST

### (2) EBI 2002 1

<http://www.ebi.ac.uk/genomes/>

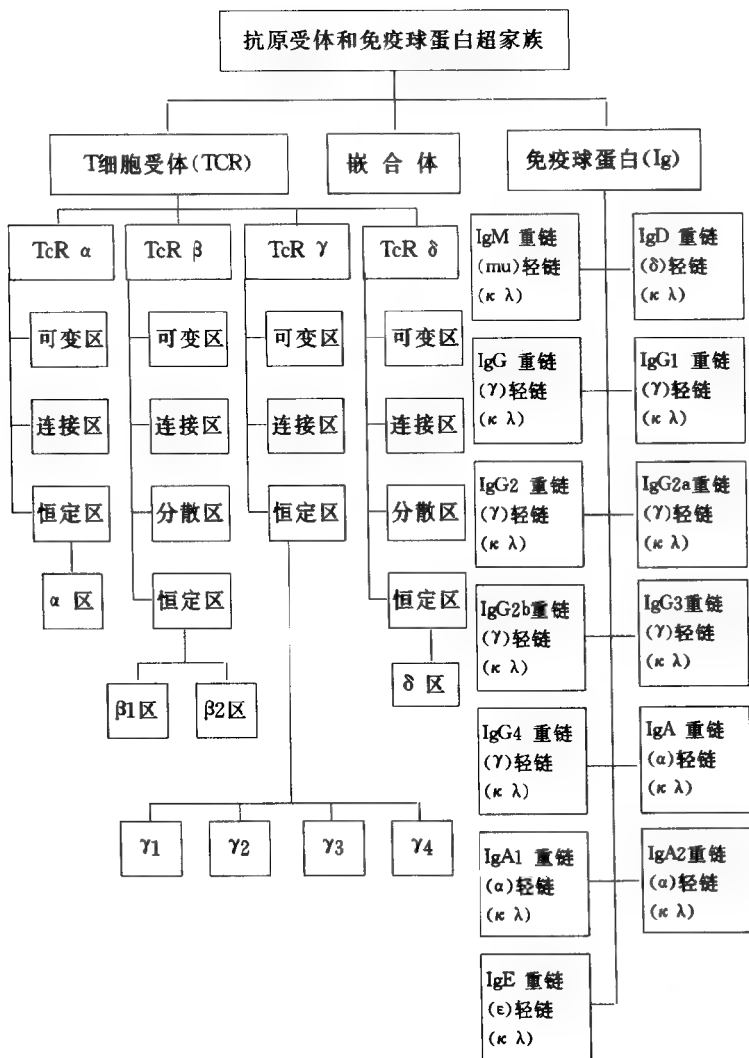
- 11
- 63
- 5
- 201
- 90
- 246
- 37







IMGT □ □ □ □ □ □ □ <http://imgt.cines.fr; 8104/>。



(1) **IMGT**

- 
- 
- 
- **STS**
- 
- 

- 

(2) **IMGT**

**IMGT**

- **LIGM-DB** **T**  
**LIGM-DB** **the Laboratoire d'ImmunoGenetique  
Moleculaire** 2001 12  
53936 **T**  
**MHC/HLA-DB**  
HLA) 2001 10 1468 **MHC**

(3)

- **HIV/AIDS**
- 
- 

(4) **IMGT**



- LIGM (Laboratoire d'ImmunoGenetique Moleculaire)
- CINES (CNUSC) (Centre National de l'Enseignement Supérieur)
- ICRF (Imperial Cancer Research Fund)
- EBI (European Bioinformatics Institute)
- IFG (Institut für Genetik)
- BPRC (Biochemical Primate Research Centre)
- EUROGENETEC (Seraing)

(5) IMGT (International Molecular Genetics Technology)

- DNAPLOT
- ...
- ...
- ...
- ...
- ...

IMGT (International Molecular Genetics Technology) is a database of immunoglobulin and T cell receptor genes and proteins. It provides a comprehensive resource for the study of the immune system. The database includes information on the structure, function, and evolution of these genes and proteins. It also provides tools for the analysis and comparison of sequences.

(6) IMGT (International Molecular Genetics Technology) is a database of immunoglobulin and T cell receptor genes and proteins.

- T cell receptor (TcR) genes and proteins
- TcR $\alpha$ , TcR $\beta$ , IgM, IgG
- TcR $\alpha$ , TcR $\beta$ , Ig $\kappa$ , Ig $\lambda$ , Ig $\delta$
- TcR $\alpha$ , TcR $\beta$ , Ig $\kappa$ , Ig $\lambda$ , Ig $\delta$

- Fab, Fc, lambda5, transgene

GenomeNet-Japanese

Bioinformatics Servers □

[illegible][illegible]

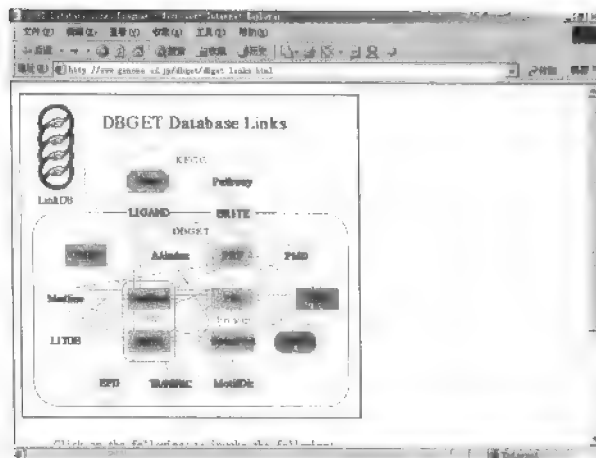
[illegible]

(Bioinformatics Center, Institute for Chemical Research, Kyoto

University of California, San Diego GenomeNet <http://www.genome.ucsd.edu>

genome.ad.jp □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

(1) DBGET/LinkDB □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ 3-8)



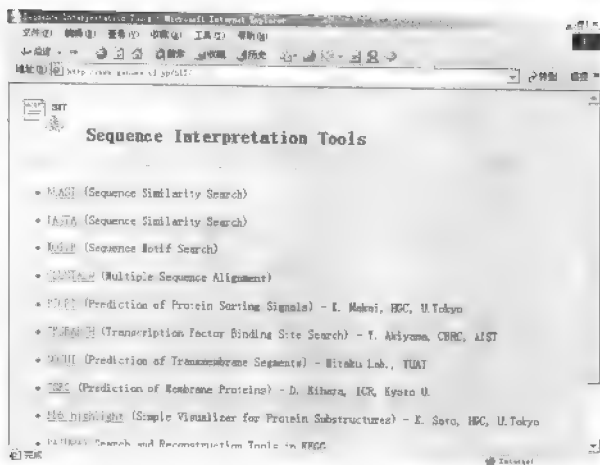
3-8 DBGET

□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

(<http://www.genome.ad.jp/dbget/dbget.links.html>).

- DBGET/LinkDB/KEGG □ □ □ □ □ □ □
- DBGET/BLAST/FASTA □ IDEAS □ □





### □ 3-9 GenomeNet □□□□□□□□ (<http://www.genome.ad.jp/SIT/>)

□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□

- **TFSEARCH** □□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□ DNA □□□□□□□□□□□□□□

- **GRAIL (Gene Recognition and Assembly Internet Link)** □□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□ DNA □□□□□□□□

□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□ DNA (10-50 □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□

- **PSORT** □ □□ prediction of protein sorting signals)□□ □

- **SOSUI** [\[prediction of transmembrane segments\]](#)  
[\[link\]](#)
- **PDB highlight** [\[Protein Data Bank\]](#)  
[\[link\]](#)
- **KEGG** [\[link\]](#)

2003 KEGG 1995 5  
 KEGG  
 KEGG  
 KEGG  
 KEGG

LIGAND 

13407 3829  
 9578  
 .BRITE

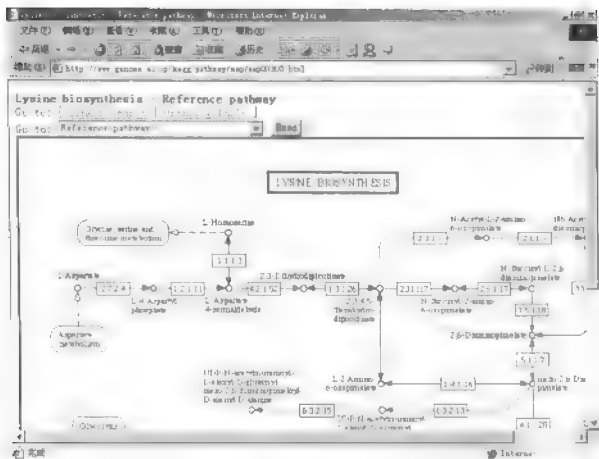
□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ 278 □ □ □ □

KEGG  
" Search and compute with KEGG "

[illegible]

3. KEGG □ □ □ □ □ □ □

(1) □ □ □ □ □ □ □ □ □ □



□ 3-10 □  
□  
□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ http://www.genome.  
ad.jp/kegg/pathway/map/map00300.html)。









NCBI FASTA EBI BLAST  
 EBI BLAST FASTA  
 NCBI BLAST  
 3-12)  
 EBI NCBI

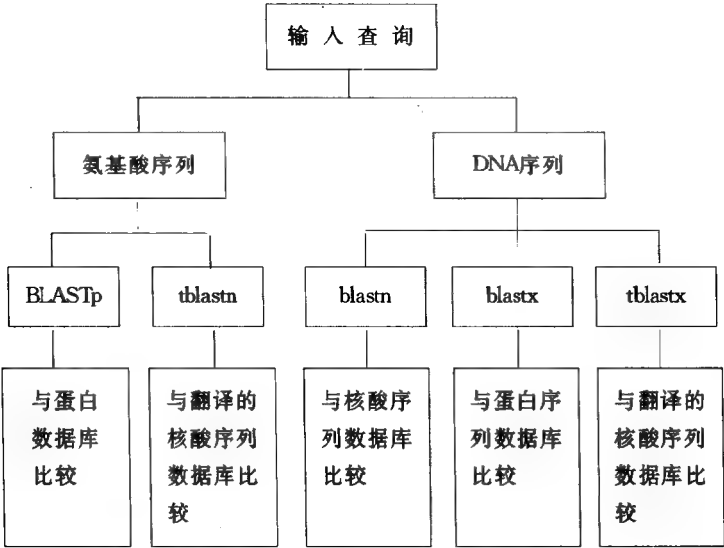


图 3-12 BLAST 搜索类型

sequence alignment 与 BLAST 比较  
 —

1. 数据库



















$\text{score}, S$  E  
 E  
 E  
 E

## 6. EBI — FASTA

FASTA EBI EBI  
 FASTA3 (<http://www2.ebi.ac.uk/fasta3/>),  
 FASTA3 FASTA、GCG、  
 EMBL、Genbank、NBRF Phylip 1-6  
 FASTA3 BLAST  
 FASTA3

- **fasta3** DNA
- **fastx/y3** DNA 6
- **tfastx/y3** DNA
- **fasts3**
- **fastf3**

FASTA3

- **swall**: SWALL Swissprot + Trembl + TremblNew)
- **swissprot**: SWISS-PROT
- **swnew**: SWISS-PROT
- **sptrembl**: SPTREMBL (TrEMBL)
- **remtrembl**: REMTREMBL (TrEMBL)
- **PDB**: Brookhaven
- **ENSEMBL**: ENSEMBL
- **Euro Pat** European Patent Office

□ □ □ □ □

- Japan Pat □ □ □ □ □ Japanese Patent Office □ □ □ □ □ □ □ □ □
- USPTO Pat □ □ □ □ □ □ □ United States Patent and Trademark Office □ □ □ □ □ □ □ □
- EMBL: EMBL □ □ □ □ □ □ □
- EFUN: EMBL □ □ □ □ □ □ □
- EINV: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □ □
- EHUM: EMBL □ □ □ □ □ □ □
- EMAM: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □ □
- EORG: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □
- EPHG: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □
- EPLN: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □
- EPRO: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □ □
- EROD: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □ □
- ESTS: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □ □
- ESYN: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □
- EUNA: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □ □
- EVRL: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □
- EVRT: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □ □
- EEST: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □ □
- EGSS: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
- EHTG: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
- EMNEW: EMBL □ □ □ □ □ □ □ □
- EMALL: EMBL+EMBL □ □ □ □ □ □ □ □
- IMGT: IMGT □ □ □ □ □ □ □ □ □
- HGBASE □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

FASTA3 □

□ □



BLAST 프로그램은 BLAST 프로그램  
tBLASTn, tBLASTx) 프로그램은 BLASTx  
BLAST 프로그램은 BLAST 프로그램

- 프로그램은 PDB (Protein Data Bank) 프로그램은

- 프로그램은 filter) 프로그램은 BLAST 프로그램

- 프로그램은 BLAST 프로그램



• Prosite

Prosite is a database of protein families and domains. It is a part of the UniProt database. It contains information about the structure, function, and evolution of proteins. It is a valuable resource for researchers in the field of protein science.

• Prosite

Prosite is a database of protein families and domains. It is a part of the UniProt database. It contains information about the structure, function, and evolution of proteins. It is a valuable resource for researchers in the field of protein science.

• Prosite

Prosite is a database of protein families and domains. It is a part of the UniProt database. It contains information about the structure, function, and evolution of proteins. It is a valuable resource for researchers in the field of protein science.

2. Prosite

Prosite is a database of protein families and domains. It is a part of the UniProt database. It contains information about the structure, function, and evolution of proteins. It is a valuable resource for researchers in the field of protein science.

3.

Prosite is a database of protein families and domains. It is a part of the UniProt database. It contains information about the structure, function, and evolution of proteins. It is a valuable resource for researchers in the field of protein science.

1.



- [illegible]

□ □ □ □ □

1. Woodsmall RM, Benson DA. Information resources at the National Center for Biotechnology Information. *Bull Med Libr Assoc*, 1993, 81 (3): 282-4
2. Emmert DB, et al. The European Bioinformatic Institute (EBI) databases. *Nucleic Acids Res*, 1994, 22 (17): 3445-9
3. Barker WC, et al. The PIR-International Protein Sequence Database. *Nucleic Acids Res*, 1998, 26 (1): 27-32
4. Bairoch A, Apweiler R. The SWISS-PROT protein sequence data bank and its supplement TrEMBL in 1998. *Nucleic Acids Res*, 1998, 26 (1): 38-42
5. Sussman JL, et al. Protein Data Bank (PDB): database of three dimensional structural information of biological macromolecules. *Acta Crystallogr D Biol Crystallogr*, 1998, 54 (1): 1078-84
6. Benson D, Lipman DJ, Ostell J. GenBank. *Nucleic Acids*

Res, 1993, 21 (13): 2963-5

7. Boguski MS, Lowe TM, Tolstoshev CM. dbEST-database for "expressed sequence tags" [letter]. Nat Genet, 1993, 4 (4): 332-3
8. Moyzis RK, et al. The distribution of interspersed repetitive DNA sequences in the human genome. Genomics, 1989, 4 (3): 273-89
9. VanBogelen RA, et al. The gene-protein database of Escherichia coli; edition 5. Electrophoresis, 1992, 13 (12): 1014-54
10. Martin AC. Accessing the Kabat antibody sequence database by computer. Proteins, 1996, 25 (1): 130-3
11. Payne WE, Garrels JI. Yeast protein database (YPD): a database for the complete proteome of Saccharomyces cerevisiae. Nucleic Acids Res, 1997, 25 (1): 57-62
12. Cavin PR, Junier T, Bucher P. The Eukaryotic Promoter Database EPD. Nucleic Acids Res, 1998, 26 (1): 353-7
13. Altschul SF, et al. Basic local alignment search tool. J Mol Biol, 1990, 215 (3): 403-10
14. McEntyre J. Linking up with Entrez. Trends Genet, 1998, 14 (1): 39-40
15. Rashbass J. Online Mendelian Inheritance in Man. Trends Genet, 1995, 11 (7): 291-2
16. Ohkawa H, Ostell J, Bryant S. MMDB: an ASN. 1 specification for macromolecular structure. Ismb, 1995, 3: 259-67
17. Hogue CW. Cn3-D: a new generation of three-dimensional molecular structure viewer. Trends Biochem Sci, 1997, 22 (8): 314-6

18. 国家科学数据委员会 NCBI 数据库 2002, 14 (1): 59-62
19. 国家科学数据委员会 1999, 6 (21): 321-325
20. Pearson WR. Using the FASTA program to search protein and DNA sequence databases. *Methods Mol Biol*, 1994, 25: 365-89
21. Brenner SE. BLAST, Blitz, BLOCKS and BEAUTY: sequence comparison on the net. *Trends Genet*, 1995, 11 (8): 330-1
22. Stoesser G, et al. The EMBL nucleotide sequence database. *Nucleic Acids Res*, 1998, 26 (1): 8-15
23. Bairoch A, Apweiler R. The SWISS-PROT protein sequence data bank and its supplement TrEMBL in 1999. *Nucleic Acids Res*, 1999, 27 (1): 49-54
24. Rodriguez-Tome P, Lijnzaad P. The radiation hybrid database. *Nucleic Acids Res*, 1997, 25 (1): 81-4
25. Rodriguez-Tome P. Searching the dbEST database. *Methods Mol Biol*, 1997, 69: 269-83
26. Lefranc MP, et al. IMGT, the International Immunogenetics database. *Nucleic Acids Res*, 1998, 26 (1): 297-303
27. Berman H. M, Zardecki C, Westbrook J. The nucleic acid database: a resource for nucleic acid science. *Acta Crystallogr D Biol Crystallogr*, 1998, 54 (1): 1095-104
28. FlyBase: a Drosophila database. Flybase Consortium. *Nucleic Acids Res*, 1998, 26 (1): 85-8
29. Attimonelli M, et al. MitBASE: a comprehensive and integrated mitochondrial DNA database. *Nucleic Acids Res* 1999, 27 (1): 128-33

30. Moszer I, Glaser P, Danchin A. SubtiList: a relational database for the *Bacillus subtilis* genome. *Microbiology*, 1995, 141 (Pt 2): 261-8
31. Barker WC, et al. Protein sequence database of the protein identification resource (PIR). *Protein Seq Data Anal*, 1987, 1 (1): 43-98
32. Bairoch A, Bucher P, Hofmann K. The PROSITE database, its status in 1997. *Nucleic Acids Res*, 1997, 25 (1): 217-21
33. Boehnke M, Lange K, Cox DR. Statistical methods for multipoint radiation hybrid mapping. *Am J Hum Genet*, 1991, 49 (6): 1174-88
34. Matise TC, Perlin M, Chakravarti A. Automated construction of genetic linkage maps using an expert system (MultiMap): a human genome linkage map [published erratum appears in *Nat Genet*, 1994, Jun; 7 (2): 215]. *Nat Genet*, 1994, 6 (4): 384-90
35. Lefranc MP, et al. ligm-db/imgt: an integrated database of Ig and TcR, part of the immunogenetics database. *Ann N Y Acad Sci*, 1995, 764: 47-9
36. Newell WR, Trowsdale J, Beck S. MHCDB-database of the human MHC. *Immunogenetics*, 1994, 40 (2): 109-15
37. Kanehisa M. Linking databases and organisms: GenomeNet resources in Japan. *Trends Biochem Sci*, 1997, 22(11):442-4
38. Fujibuchi W, et al. DBGET/LinkDB: an integrated database retrieval system. *Pac Symp Biocomput*, 1998: 683-94
39. Altschul SF, et al. KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes. *Nucleic Acids Res*, 1999, 27 (1): 29-34
40. Pearson WR. Using the FASTA program to search protein

- and DNA sequence databases. *Methods Mol Biol* □ 1994 □ 24 □ 307-31
41. Thompson JD □ Higgins DG □ Gibson TJ. CLUSTALW □ improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting □ position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res* □ 1994 □ 22 (22) □ 4673-80
42. Roberts L. GRAIL seeks out genes buried in DNA sequence [news]. *Science* □ 1991 □ 254 (5033) □ 805
43. Nakai K, Horton P. PSORT □ a program for detecting sorting signals in proteins and predicting their subcellular localization. *Trends Biochem Sci* □ 1999, 24 (1) □ 34-6
44. Hirokawa T □ Boon-Chieng S □ Mitaku S. SOSUI □ classification and secondary structure predication system for membrane proteins. *Bioinformatics* □ 1998 □ 14 (4) □ 378-9
45. Goto S, Nishioka T □ Kanehisa M. LIGAND dataase for enzymes □ compounds and reactions. *Nucleic Acids Res* □ 1999 □ 27 (1) □ 377-9
46. Bairoch A. PROSITE □ a dictionary of sites and patterns in proteins. *Nucleic Acids Res* □ 1991 □ 19 (Supl) □ 2241-5
47. Bairoch A □ Boeckmann A. The SWISS-PROT protein sequence data bank. *Nucleic Acids Res* □ 1991 □ 19 (Supl) □ 2247-9
48. Sternberg MJ. PROMOT; a FORTRAN program to scan protein sequences against a library of known motifs. *Comput Appl Biosci* □ 1991 □ 7 (2) □ 257-60
49. Kolakowski LF □ Leunissen JA □ Smith JE. ProSearch; fast searching of protein sequences with regular expression patterns related to protein structure and function.

- Biotechniques, 1992, 13 (6): 919-21
50. Huang X. On global sequence alignmet. Comput Appl Biosci, 1994, 10 (3): 227-35
  51. Altschul SF, Gish W. Local alignment statistics. Methods Enzymol, 1996, 266: 460-80
  52. Feng DF, Johnson MS, Doolittle RF. Aligning amino acid sequences; comparison of commonly used methods. J Mol Evol, 1984, 21 (2): 112-25
  53. Schwartz RM, Dayhoff MO. Origins of prokaryotes, eukaryotes, mitochondria, and chloroplasts. Science, 1978, 199 (4327): 395-403
  54. McLachlan AD. Repeating sequences and gene duplication in proteins. J Mol Biol, 1972, 64 (2): 417-37
  55. Fitch WM. An improved method of testing for evolutionary homology. J Mol Biol, 1966, 16 (1): 9-16
  56. Bairoch A, Boeckmann B. The SWISS-PROT protein sequence data bank. Nucleic Acids Res, 1992, 20 (Suppl): 2019-22
  57. Wilbur WJ. On the PAM matrix model of protein evolution. Mol Biol Evol, 1985, 2 (5): 434-47
  58. Altschul SF, et al. Gapped BLAST and PSI-BLAST; a new generation of protein database search programs. Nucleic Acids Res, 1997, 25 (17): 3389-402
  59. Pearson WR, Lipman DJ. Improved Tools for Biological Sequence Analysis. PNAS, 1988, 85: 2444-8
  60. Pearson WR. Rapid and Sensitive Sequence Comparison with FASTP and FASTA. Methods Enzymol, 1990, 183: 63-98

## PCR 反应体系

PCR 反应体系是指在进行 PCR 反应时所加入的各种试剂和模板 DNA 的总量。通常，PCR 反应体系包括模板 DNA、引物、dNTPs、Taq 酶和缓冲液等。反应体系的组成和浓度对 PCR 的效率和特异性有重要影响。在设置反应体系时，需要根据反应条件（如反应体积、反应时间、反应温度等）来调整各成分的浓度。例如，模板 DNA 的浓度过高会导致非特异性扩增，而浓度过低则会导致扩增效率低下。引物的浓度也会影响扩增的特异性。dNTPs 的浓度则决定了反应的延伸速度。Taq 酶的浓度则决定了反应的灵敏度。缓冲液的 pH 值和离子强度也会影响反应的进行。因此，在设置 PCR 反应体系时，需要根据具体的反应条件和目标序列来优化各成分的浓度，以获得最佳的扩增效果。

## PCR 反应体系

DNA 模板的浓度对 PCR 反应的影响很大。通常，模板 DNA 的浓度在 1-10 ng/μl 之间。如果模板 DNA 的浓度过低，会导致扩增效率低下；如果浓度过高，则会导致非特异性扩增。引物的浓度也会影响 PCR 反应。通常，引物的浓度在 0.1-1 μM 之间。dNTPs 的浓度也会影响 PCR 反应。通常，dNTPs 的浓度在 0.1-1 mM 之间。Taq 酶的浓度也会影响 PCR 反应。通常，Taq 酶的浓度在 0.5-2 U/μl 之间。缓冲液的 pH 值和离子强度也会影响 PCR 反应。通常，缓冲液的 pH 值在 8.0-9.0 之间，离子强度在 50-100 mM 之间。PCR 反应体系的优化是一个复杂的过程，需要根据具体的反应条件和目标序列来调整各成分的浓度。通常，可以通过比较不同反应体系的扩增效率和特异性来优化反应体系。例如，可以通过比较不同模板 DNA 浓度下的扩增效率来优化模板 DNA 的浓度。同样，也可以通过比较不同引物浓度下的扩增效率来优化引物的浓度。通过不断优化反应体系，可以获得最佳的 PCR 扩增效果。





[illegible]

□ □ □ □ □

[illegible]

**Northern blot**

**mRNA**

**DNA**

**RNA (mRNA)**

**mRNA**

**mRNA**

□ □ mRNA □  
 cDNA □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ cDNA □ □ □ □ □ □ □ □ □ □  
 □ □ □ □ □ mRNA □  
 □  
 DNA □  
 □  
 □  
 □  
 □





1989  
Teikari O'Donnell (Teikari, J. M. O'Donnell, J. J.  
Astigmatism in 72 twin pairs. *Cornea* 8: 263-266, 1989  
PCR)

DNA Polymerase  
Chain Reaction, PCR)。1985 Kary B. Mullis PCR  
Cetus Corporation 1993  
Kary B. Mullis  
DNA  
mRNA  
DNA  
DNA  
Santa Clara Affymetrix [http: //www. affymetrix . com/](http://www.affymetrix.com/)) DNA

PCR  
DNA  
10-20  
DNA  
PCR

1973年，Sanger和Maxam-Gilbert分别独立地发明了DNA测序技术。Sanger的测序方法（Sanger sequencing）利用DNA聚合酶在已知序列的DNA模板上合成新的DNA链，通过加入带有放射性标记的dNTPs，并利用不同的终止剂（ddATP, ddCTP, ddGTP, ddTTP）来终止合成，从而得到不同长度的DNA片段。Maxam-Gilbert的测序方法则是利用化学试剂（如肼）来切割DNA，产生不同长度的片段。这两种方法在当时都是革命性的突破，为后续的基因组测序奠定了基础。

Sanger的测序方法在1977年首次被用于测定噬菌体φX174的基因组序列，这是第一个完整的病毒基因组序列。这一成就不仅验证了Sanger方法的可行性，也为后续的基因组测序提供了重要的参考。

Maxam-Gilbert的测序方法虽然在原理上与Sanger方法类似，但由于其操作复杂且对试剂的要求较高，因此在实际应用中逐渐被Sanger方法所取代。

随着DNA测序技术的不断发展，Sanger方法逐渐成为实验室中最常用的测序方法。然而，Sanger方法的通量较低，成本较高，因此在大规模基因组测序中逐渐被高通量的测序技术所取代。

(www.sanger.ac.uk/HGP/stats.shtml) 提供了关于Sanger测序技术的详细统计数据和相关信息。

FASTA 形式の DNA 配列データは、GenBank、EMBL、DDBJ (国際 DNA 配列データベース) に登録されている。

GenBank は、NCBI (National Center for Biotechnology Information) に登録されている。EBI (European Bioinformatics Institute) は、EMBL に登録されている。NIGJ (National Institutes of Genetics in Japan) は、DDBJ に登録されている。

(<http://www.sanger.ac.uk/Info/Statistics/> Progress Statistics)”

British Medical Research Council) Sanger 研究所は、GenBank、EMBL、DDBJ (国際 DNA 配列データベース) に登録されている。

GenBank、EMBL、DDBJ (国際 DNA 配列データベース) に登録されている。

NCBI、EBI、NIGJ (National Institutes of Genetics in Japan, <http://www.nig.ac.jp/home.html>) に登録されている。

DNA 配列データ

GenBank、EMBL、DDBJ (国際 DNA 配列データベース) に登録されている。



(genome survey sequences)

ESTs 300-500bp  
mRNA  
EST  
GenBank

STSs ESTs PCR ESTs STSs ESTs.

NCBI  
NCBI  
NCBI  
High Throughput Genomic, HTG  
1) 2) 3)

NCBI  
 ENTREZ  
 NCBI



□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

GenBank Sanger TIGR NCBI  
GenBank 96.0

GenBank □□□□□□□□□□ NLM (National Library  
of Medicine) □□□□□□□□□□ http://www.nlm.nih.gov/ □□□□  
□□□□□□□□□□□□□□ NLM □□□□ 3400 □□□□ 325,000 □□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□ National Agricultural Library □□□□ GenBank □  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□ European Molecular Biology Laboratory, EMBL),  
□□□□ Hinxton Hall □□□□□□□□ DNA □□□□ DNA Database of  
Japan, DDBJ) □□□□ Mishima □□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□ Genome Sequence Database, GSDB □□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□ Santa Fe □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
Entrez □□□□ CD-ROM □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□  
(ftp://ncbi.nlm.nih.gov/genbank/release.notes/gb96.release.notes).

**DNA**

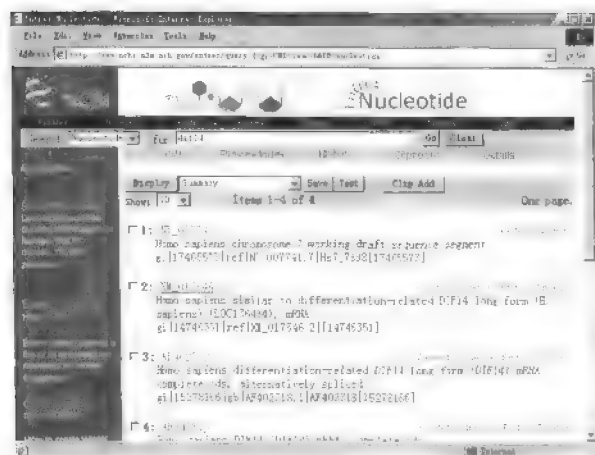
**Margaret Dayhoff**





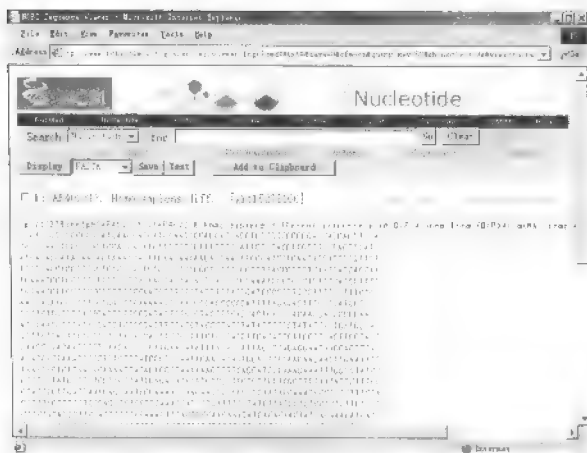
NCBI

“ dif14” Entrez “ GenBank” (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Entrez/>) “ dif14” Go



4-1 Entrez “ dif14” 2001 12

4-1) 4-2, FASTA GenBank Applet Java MEDLINE) 4-1 accession number AF348513 dif14 mRNA

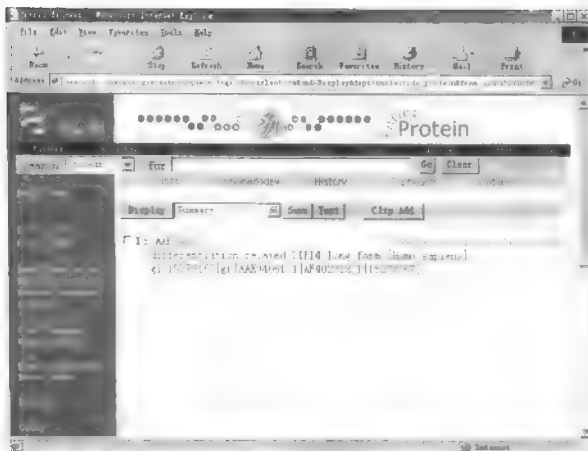


□ 4-2 □ □ □ □ AF402318 □ dif14 □ □ □ □ □ FASTA □ □ □

□ □ □ □ □ AF402318 □ □ □ dif14 □ □ □ □ □ □ □ □ □ □  
 □ □ □ □ □ □ □ □ □ 490 □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □  
 □  
 “FASTA” □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ FASTA □ □ □ □ □ □ □ □ □ □  
 □ □ □ □ NT 007741 □ □ □ □ □ □ 7 □ □ □ □ □ □ □ □ □ □  
 (working draft □ □ □ □ □ □ □ □ □ dif14 □ □ □ □ □ □ 7 □ □ □ □ □  
 □ □ □ □ NT 007741 □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □  
 □ □ □ □

□ □ “ protein” □ □ □ □ □ □ □ □ □ dif14 □ □ □ □ □ □ □ □ □ □  
 □ □ 4-3, accession number AAK94061), FASTA □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

□ □ □ □ □ □ FASTA □ □ □ □ □ □ □ □ □ BLAST (BLASTp search □ □ □ □ □ □ □ □ □ non-redundant □ □ □ □ □ GenBank CDS translation + PDB + SWISS-PROT + Spupdate + PIR + PRF □ □ 855, 480 □ □ □ □ 269, 408, 271 □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □  
 □ □ □ □ BLAST □ □ □ □ □ □ □ □ □ FASTA □ □ □ □ □ □ □ □ □ □



4-3 Entrez dif14 AAK94061 AF402318

Standard protein-protein BLAST [blastp]  
 blastp 26  
 LMBR1 lipocalin-1 Saph1  
 R05D3.2.p my034  
 2002 1 24  
 E 0 BLAST AF402318  
 0)  
 E 0.1 E  
 DNA  
 0.1







ORF 是一个或多个连续编码的氨基酸序列。ORF 通常是指 DNA 序列中，从起始密码子（ATG）开始，到终止密码子（TAA、TAG 或 TGA）结束的一段序列。ORF 的长度通常为 3 的倍数，因为每个氨基酸由 3 个核苷酸编码。

在 DNA 序列中，ORF 通常是指从起始密码子（ATG）开始，到终止密码子（TAA、TAG 或 TGA）结束的一段序列。ORF 的长度通常为 3 的倍数，因为每个氨基酸由 3 个核苷酸编码。

ORF finder 是一个用于识别 DNA 序列中的开放阅读框（ORF）的工具。它通常与 BLAST 一起使用，用于识别潜在的编码区域。ORF finder 可以在 NCBI 网站上找到，地址为 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html>。

NCBI 提供了一个用于识别 DNA 序列中的开放阅读框（ORF）的工具，地址为 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/taxonomyhome.html>。

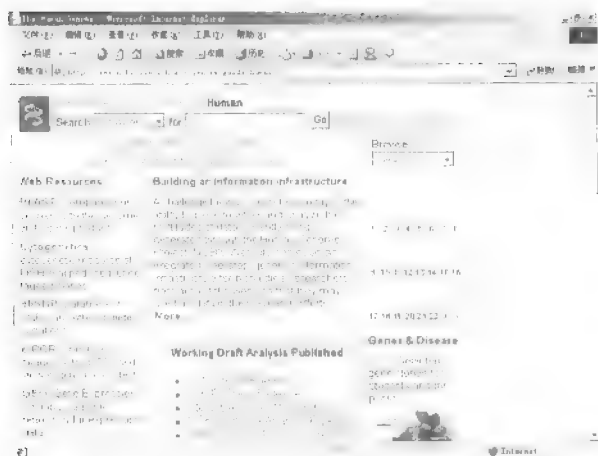
ORF finder 是一个用于识别 DNA 序列中的开放阅读框（ORF）的工具。它通常与 cDNA 序列一起使用，用于识别潜在的编码区域。ORF finder 可以在 NCBI 网站上找到，地址为 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html>。

[illegible]

ORF  
DNA  
Bylor Gene Finder, [http://dot.imgen.bcm.tmc.edu\\_9331/gene-finder/gf.html](http://dot.imgen.bcm.tmc.edu_9331/gene-finder/gf.html)

Virage Inc. www.virage.com)

[illegible]



#### 4-4

DNA、  
DNA  
“ ”





DNA 的 分 析 可 以 提 高 对 生 物 进 化 的 理 解 。 通 过 对 DNA 序 列 的 比 较 ， 科 学 家 们 可 以 推 断 出 物 种 之 间 的 亲 缘 关 系 ， 并 建 立 生 物 进 化 的 树 状 图 。 这 些 研 究 对 于 理 解 生 物 的 多 样 性 和 进 化 过 程 具 有 重 要 意 义 。 在 近 几 十 年 来 ， DNA 分 析 已 经 成 为 生 物 学 研 究 中 最 为 普 遍 的 方 法 之 一 。

在 生 物 学 领 域 中 ， 生 物 进 化 树 是 一 个 重 要 的 概 念 。 它 描 述 了 物 种 之 间 的 亲 缘 关 系 和 进 化 过 程 。 通 过 研 究 生 物 进 化 树 ， 科 学 家 们 可 以 了 解 到 物 种 之 间 的 亲 缘 关 系 是 如 何 形 成 的 ， 并 推 断 出 物 种 之 间 的 进 化 时 间 。 在 网 络 上 ， 有 许 多 关 于 生 物 进 化 树 的 资 料 ， 如 <http://www.phylogeny.arizona.edu/tree/life.html> 。

“ 生 物 进 化 树 ” 是 一 个 描 述 物 种 之 间 亲 缘 关 系 的 树 状 图 。 它 可 以 通 过 研 究 物 种 之 间 的 亲 缘 关 系 来 推 断 出 物 种 之 间 的 进 化 时 间 。 在 网 络 上 ， 有 许 多 关 于 生 物 进 化 树 的 资 料 ， 如 <http://www.phylogeny.arizona.edu/tree/life.html> 。

在 网 络 上 ， 有 许 多 关 于 生 物 进 化 树 的 资 料 ， 如 <http://www.phylogeny.arizona.edu/tree/life.html> 。

在 网 络 上 ， 有 许 多 关 于 生 物 进 化 树 的 资 料 ， 如 <http://www.phylogeny.arizona.edu/tree/life.html> 。







1. 基因组 DNA 文库的构建  
 基因组 DNA 文库的构建是基因组学研究中的一项重要技术。其基本原理是将基因组 DNA 片段化，并与载体 DNA 连接，构建成重组 DNA 分子。重组 DNA 分子随后被导入宿主细胞（如大肠杆菌）中进行扩增和克隆。通过筛选和鉴定，可以获得含有特定 DNA 片段的克隆，用于后续的研究。

2. 基因组 DNA 文库的构建步骤  
 基因组 DNA 文库的构建通常包括以下几个步骤：

1. 基因组 DNA 的提取和纯化：从细胞中提取总 DNA，并去除杂质。
2. DNA 的片段化：将 DNA 片段化，通常使用超声或机械剪切的方法。
3. 载体 DNA 的制备：选择合适的载体 DNA，并进行适当的改造。
4. DNA 的连接：将片段化的 DNA 与载体 DNA 连接，形成重组 DNA 分子。
5. 重组 DNA 的导入：将重组 DNA 分子导入宿主细胞。
6. 克隆的筛选和鉴定：通过适当的筛选方法，筛选出含有目标 DNA 片段的克隆。

3. 基因组 DNA 文库的应用  
 基因组 DNA 文库在基因组学研究中具有广泛的应用，包括：

- 1. 基因克隆：通过筛选文库，可以克隆出特定的基因。
- 2. 基因表达分析：通过筛选文库，可以分析基因的表达水平。
- 3. 基因组图谱绘制：通过筛选文库，可以绘制基因组的物理图谱。
- 4. 基因组比较分析：通过比较不同物种的基因组文库，可以分析基因组的进化关系。

4. 基因组 DNA 文库的构建参数  
 在构建基因组 DNA 文库时，需要考虑以下参数：

- 1. 文库容量：文库容量是指文库中能够容纳的 DNA 片段数量。通常，文库容量与 DNA 片段的长度和载体的效率有关。
- 2. 文库的多样性：文库的多样性是指文库中包含的 DNA 片段的种类数量。通常，文库的多样性与 DNA 片段的长度和载体的效率有关。
- 3. 文库的稳定性：文库的稳定性是指文库在存储和扩增过程中的稳定性。通常，文库的稳定性与载体的选择和存储条件有关。

5. 基因组 DNA 文库的构建注意事项  
 在构建基因组 DNA 文库时，需要注意以下事项：

- 1. 选择合适的载体 DNA：载体的选择应考虑到载体的大小、复制效率、克隆效率等因素。
- 2. 选择合适的宿主细胞：宿主细胞的选择应考虑到细胞的生长速度、转化效率、稳定性等因素。
- 3. 严格控制实验条件：实验条件的控制应考虑到温度、时间、试剂浓度等因素。
- 4. 做好实验记录：实验记录应详细记录实验步骤、结果、结论等信息。







UniGene 在 Washington 的 Merck 公司 ESTs  
文库中用 Oligo (dT) 文库 mRNA 文库  
文库 5' 3' 文库 3' 文库  
UniGene 文库 5' 文库 UniGene  
文库 [www.ncbi.nlm.nih.gov/Schuler/Papers/Esttransmap/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Schuler/Papers/Esttransmap/)。

文库  
文库  
文库  
文库  
文库  
文库

文库

1998 文库 2005 文库  
1998 文库 Celera 文库 <http://www.celera.com/> 文库 Perkin-Elmer 文库 <http://www.perkin-elmer.com/> 文库 J. Craig Venter 文库  
文库  
“working draft” 文库 2001 文库  
文库 Celera 文库 2001  
2 文库 2003 文库

文库  
文库 International Radiation  
Hybrid Mapping Consortium) 文库 NCBI 文库  
(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genemap98>) 文库  
文库 4-1 文库  
文库 NCBI GeneMap'98。

GeneMap'98 文库 30,261 文库 2002  
文库  
(STS) 文库 STS 文库  
文库 3% STSs 文库



32000 22000  
25000  
30000  
30000  
30000

3  
(Nature, 15 February, 2001)  
Celera Genomics  
Science, 16 February, 2001)  
Celera

DNA  
HGP  
Celera DNA  
HGP  
Celera  
HGP

DNA 300,000

40  
 DNA、RNA  
 4-2 4-3  
 Internet

## 4-2 DNA RNA

用途	软件	互联网网址
序列相似性比较	BLASTn, tBLASTx, BLASTx	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST">www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST</a>
寻找开放读框(ORF)	ORF Finder	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html">www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html</a>
在 DNA 序列中寻找序列标签位点	Electronic PCR	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/STS/">www.ncbi.nlm.nih.gov/STS/</a>
将 DNA 或 RNA 翻译为蛋白	Translate and Protein Machine	<a href="http://www.expasy.hcuge.ch/tools/dna.html">www.expasy.hcuge.ch/tools/dna.html</a> 和 <a href="http://www.ebi.ac.uk/translate.html">www.ebi.ac.uk/translate.html</a>
比较基因组和蛋白质序列	GeneWise	<a href="http://www.sanger.ac.uk/Software/Wise2/genewiseform.shtml">www.sanger.ac.uk/Software/Wise2/genewiseform.shtml</a>
寻找基因	Gene Recognition and Assembly Internet Link (GRAIL) 和 PROCRUSTES	<a href="http://www.compbio.ornl.gov/Grail-1.3/">www.compbio.ornl.gov/Grail-1.3/</a> 和 <a href="http://www-hto.usc.edu/software/procrustes">www-hto.usc.edu/software/procrustes</a>













COG 数据库 1.0 版 (2003 年) 包含 3,170 个 COG 家族, 其中 1,100 个 COG 家族在 NCBI 数据库 8 月 11 日 (2003 年) 之前被 J. H. 数据库 (2003 年) 收录。RNA 数据库 (2003 年) 收录了 1,100 个 COG 家族, 其中 1,100 个 COG 家族在 NCBI 数据库 8 月 11 日 (2003 年) 之前被 J. H. 数据库 (2003 年) 收录。

COG 数据库 1.0 版 (2003 年) 包含 3,170 个 COG 家族, 其中 1,100 个 COG 家族在 NCBI 数据库 8 月 11 日 (2003 年) 之前被 J. H. 数据库 (2003 年) 收录。RNA 数据库 (2003 年) 收录了 1,100 个 COG 家族, 其中 1,100 个 COG 家族在 NCBI 数据库 8 月 11 日 (2003 年) 之前被 J. H. 数据库 (2003 年) 收录。

COG 数据库 1.0 版 (2003 年) 包含 3,170 个 COG 家族, 其中 1,100 个 COG 家族在 NCBI 数据库 8 月 11 日 (2003 年) 之前被 J. H. 数据库 (2003 年) 收录。

COG 数据库 1.0 版 (2003 年) 包含 3,170 个 COG 家族, 其中 1,100 个 COG 家族在 NCBI 数据库 8 月 11 日 (2003 年) 之前被 J. H. 数据库 (2003 年) 收录。RNA 数据库 (2003 年) 收录了 1,100 个 COG 家族, 其中 1,100 个 COG 家族在 NCBI 数据库 8 月 11 日 (2003 年) 之前被 J. H. 数据库 (2003 年) 收录。

















Proteomics is a branch of biology that studies the structure and function of proteins. It is a multidisciplinary field that combines biology, chemistry, and physics. Proteomics is used to study the expression and regulation of proteins in cells and tissues. It is a powerful tool for understanding the molecular basis of disease and for developing new therapies.

Proteomics is a branch of biology that studies the structure and function of proteins. It is a multidisciplinary field that combines biology, chemistry, and physics. Proteomics is used to study the expression and regulation of proteins in cells and tissues. It is a powerful tool for understanding the molecular basis of disease and for developing new therapies.

Proteomics is a branch of biology that studies the structure and function of proteins. It is a multidisciplinary field that combines biology, chemistry, and physics. Proteomics is used to study the expression and regulation of proteins in cells and tissues. It is a powerful tool for understanding the molecular basis of disease and for developing new therapies.

Proteomics is a branch of biology that studies the structure and function of proteins. It is a multidisciplinary field that combines biology, chemistry, and physics. Proteomics is used to study the expression and regulation of proteins in cells and tissues. It is a powerful tool for understanding the molecular basis of disease and for developing new therapies.



10



□ 5-1



2D 5-1) MALDI-MS BLAST GenBank 5-2)。

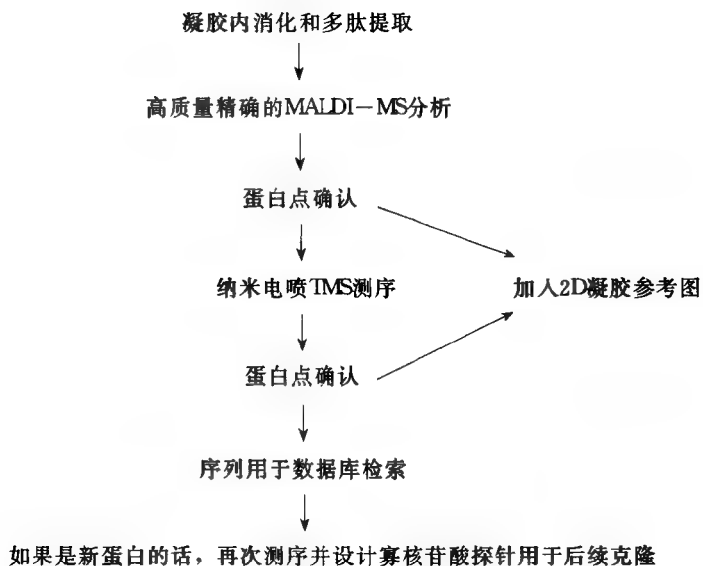


图 5-2 蛋白质鉴定流程图

蛋白质鉴定流程图













EcoCyc is a part of the Pangea Systems family of tools for genome analysis and metabolic modeling. It is a web-based tool that allows you to explore the metabolic capabilities of a given organism. The tool is designed to be user-friendly and to provide a comprehensive overview of the metabolic network of a given organism. It is a valuable resource for researchers in the field of systems biology and metabolic engineering.

EcoCyc is a part of the Pangea Systems family of tools for genome analysis and metabolic modeling. It is a web-based tool that allows you to explore the metabolic capabilities of a given organism. The tool is designed to be user-friendly and to provide a comprehensive overview of the metabolic network of a given organism. It is a valuable resource for researchers in the field of systems biology and metabolic engineering.

EcoCyc is a part of the Pangea Systems family of tools for genome analysis and metabolic modeling. It is a web-based tool that allows you to explore the metabolic capabilities of a given organism. The tool is designed to be user-friendly and to provide a comprehensive overview of the metabolic network of a given organism. It is a valuable resource for researchers in the field of systems biology and metabolic engineering.

EcoCyc KB is a part of the Pangea Systems family of tools for genome analysis and metabolic modeling. It is a web-based tool that allows you to explore the metabolic capabilities of a given organism. The tool is designed to be user-friendly and to provide a comprehensive overview of the metabolic network of a given organism. It is a valuable resource for researchers in the field of systems biology and metabolic engineering.

EcoCyc is a part of the Pangea Systems family of tools for genome analysis and metabolic modeling. It is a web-based tool that allows you to explore the metabolic capabilities of a given organism. The tool is designed to be user-friendly and to provide a comprehensive overview of the metabolic network of a given organism. It is a valuable resource for researchers in the field of systems biology and metabolic engineering.





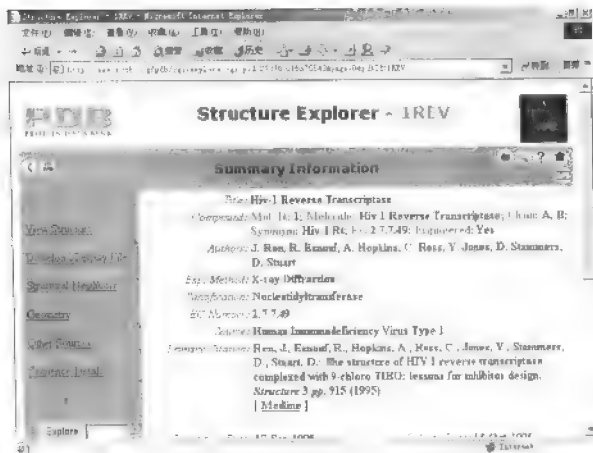
□ □ □ □ □

1. Ogata H, et al. KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes. *Nucleic Acids Res*, 1999, 27 (1): 29-34
2. Karp, PD et al. EcoCyc: encyclopedia of *Escherichia coli* genes and metabolism. *Nucleic Acids Res*, 1999, 27 (1): 55-58
3. Karp PD, et al. EcoCyc: encyclopedia of *Escherichia coli* genes and metabolism. *Nucleic Acids Res*, 1997, 25 (1): 43-51
4. Lawrence S, Giles CL. Searching the World Wide Web. *Science*, 1998, 280 (5360): 98-100
5. Fred W, et al. Biomolecular Mass Spectrometry. *Science*, 1999, 284 (5418): 1289-90
6. Gaskell SJ. Electrospray: principles and practice. *J Mass Spectrom*, 1997, 32: 677-88
7. Karas M, et al. Laser desorption ionization of proteins with molecular masses exceeding 10,000 daltons. *Anal Chem*, 60: 2299





Katz    wireframe)     
      Kinemage   Rasmol     
      Rasmol   Cn3D



□ 6-1 HIV-1 □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

6-1 HIV 2.60 Å 7715 X-PLOR3. 1 27108 1REV Brookhaven PDB; <http://www.rcsb.org>) HIV 1995 9 17 HIV J. Ren 6-2.

Compound	Classification
1	EC2.7.7.49



CT 扫描技术是医学影像学的重要组成部分，其基本原理是利用 X 射线穿透人体组织后，在不同密度的组织界面处会发生不同程度的衰减，通过探测器接收到的衰减信号，经过计算机处理，重建出人体横断面的图像。CT 扫描技术的发展经历了从第一代到第四代的过程，每一代都有其独特的优缺点。第一代 CT 扫描速度较慢，第二代和第三代扫描速度有所提高，但仍然存在运动伪影等问题。第四代 CT 扫描技术通过采用非对称的 X 射线管和探测器排列，有效减少了运动伪影，提高了图像质量。

1489 年，Leonardo da Vinci 首次提出了利用 X 射线成像的原理。1895 年，Conrad Roentgen 发现了 X 射线，并成功拍摄了第一张 X 射线照片。70 年代，CT 扫描技术得到了广泛应用，80 年代出现了 MRI（磁共振成像）技术，进一步丰富了医学影像学的手段。CT 和 MRI 技术的结合，为临床诊断提供了更加全面和准确的依据。

在 CT 扫描过程中，X 射线的剂量是一个重要的考量因素。过高的剂量会增加患者的辐射风险，而过低的剂量则会影响图像质量。因此，如何在保证图像质量的前提下，尽可能降低辐射剂量，是 CT 扫描技术研究的重点之一。目前，通过采用先进的扫描技术和图像处理算法，已经能够在一定程度上实现剂量的优化。此外，随着人工智能技术的发展，CT 图像的自动识别和诊断也成为了研究的热点。通过深度学习算法，可以实现对 CT 图像的自动分割和病变检测，大大提高了诊断效率和准确性。











(Human Brain Project 国际脑计划) 是一个旨在理解人脑工作原理的宏伟计划。该计划由欧洲委员会发起，旨在通过多学科交叉研究，揭示人脑的奥秘。计划的目标包括：理解人脑的复杂网络、开发新型计算模型、以及探索人脑与人工智能的接口。该计划已于2013年启动，预计将持续到2025年。更多信息请访问：<http://www-HBP.scripps.edu>) 计划 20 年内完成，总预算为 50 亿欧元。

1996 年，OECD 组织了一个国际脑计划工作组，旨在协调全球范围内的脑科学研究。该工作组在 1997 年发布了《国际脑计划：一个全球性的挑战》报告，呼吁各国政府、学术界和产业界共同努力，推动脑科学的发展。该计划得到了广泛的支持，成为国际科学合作的重要典范。

国际脑计划的主要目标包括：

- 多模态成像和连接性分析 (the Multi-Model Imaging and Analysis of Connectivity)
- 活体脑图谱的构建 (the In Vivo Atlases of Brain Development)
- 基于目标的 3-D 分析和可视化算法 (Goal-Based Algorithms for 3-D Analysis and Visualization)

国际脑计划的成功实施需要全球范围内的科学家、工程师和政策制定者的共同努力。通过共享数据、资源和知识，我们可以加速对大脑的理解，为治疗神经系统疾病和开发人工智能提供新的思路和方法。







[illegible]

QT

**QT**

**DNA**







(肿瘤细胞和正常细胞) → 蛋白质提取 → 蛋白质组分析

## 差异基因克隆

EST

### 编码蛋白的同源分析 (BLAST、FASTA)

## EST拼接

### 编码蛋白的特性分析和预测 (EXPASY的分析预测工具)

## Virtual Northern 比较不同组织和 细胞中的表达谱

ORF finder ORF ORF ORF 5' 3' PolyA motif OMIGA DNASTAR EBI Translation Machine (<http://www2.ebi.ac.uk/translate/>).

[illegible]

NCBI BLAST EST UniGene  
EST UniGene  
UniGene (EST UniGene  
UniGene EST  
EST “ in silico  
cloning” Human Genome Mapping Project Resource Centre  
ESTBLAST <http://www.hgmp.mrc.ac.uk/Registered/Webpp/estblast/>)  
EST

BLAST FASTA

EXPASY <http://www.expasy.ch/tools/>  
DNA  
Prosite  
MHC I











13. 1000 Genomes Project Consortium. A global reference for human genetic variation. Nature, 2012, 481: 22-31
14. 1000 Genomes Project Consortium. The 1000 Genomes Project: A global reference for human genetic variation. Nature, 2012, 481: 22-31
15. Tatusov RL, et al. A genomic perspective on protein families. Science, 1997, 278: 631-637
16. Koonin SE. An independent perspective on the Human Genome Project. Science, 1998, 279: 36-37
17. Armstrong SA, et al. MLL translocations specify a distinct gene expression profile that distinguishes a unique leukemia. Nat Genet, 2002, 30 (1): 41-7

□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

□ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □  
□ □

□ □ □ □ □

□ □ □ □

DNA Data Bank  
of Japan (DDBJ)

<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>

□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □

EMBL Nucleotide  
Sequence  
Database

<http://www.ebi.ac.uk/embl.html>

□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □

GenBank

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □

Genome Sequence  
Database (GSDb)

<http://www.ncgr.org/research/sequence/>

□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □

Ensembl

<http://www.ensembl.org/>

□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □

STACK

<http://www.sanbi.ac.za/Dbases.html>

□ □ □ □ □ □ □

TIGR Gene  
Indices

<http://www.tigr.org/tdb/index.html>

□ □ □ □ □ □ □

UniGene

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/UniGene/>

□ □ □ □ □ □ □

□ □ □ □ □ □ □

Clusters of  
Orthologous  
Groups (COG)

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/COG/>

□ □ 44 □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □

Comparative  
Genometrics

<http://www.unil.ch/igbm/genomics/genometrics.html>

□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □

euGenes

<http://iubio.bio.indiana.edu:89/>

□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □

Genome  
Information  
Broker

<http://gib.genes.nig.ac.jp/>

□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □

Gramene

<http://www.gramene.org/>

□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □

Homophila

<http://homophila.sdsc.edu/>

□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □

□ □ □ □ □ □ □ □	□ □ □ □ □	□ □ □ □
XREFdb	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/XREFdb/">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/XREFdb/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
□ □ □ □		
ASDB	<a href="http://cbcg.nersc.gov/asdb">http://cbcg.nersc.gov/asdb</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Axeldb	<a href="http://www.dkfz-heidelberg.de/abt0135/axeldb.htm">http://www.dkfz-heidelberg.de/abt0135/axeldb.htm</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □
BodyMap	<a href="http://bodymap.ims.u/">http://bodymap.ims.u/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □
EpoDB	<a href="http://www.cbil.upenn.edu/epodb/">http://www.cbil.upenn.edu/epodb/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
EPConDB	<a href="http://www.cbil.upenn.edu/EPConDB">http://www.cbil.upenn.edu/EPConDB</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □
FlyView	<a href="http://pbio07.uni/">http://pbio07.uni/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □
Gene Expression Database (GXD)	<a href="http://www.informatics.jax.org/searches/gxdindex-form.shtml">http://www.informatics.jax.org/searches/gxdindex-form.shtml</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Gene Expression Omnibus (GEO)	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
HugeIndex	<a href="http://www.hugeindex.org/">http://www.hugeindex.org/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Interferon Stimulated Gene Database	<a href="http://www.lerner.ccf.org/labs/williams/xchip-html.cgi">http://www.lerner.ccf.org/labs/williams/xchip-html.cgi</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Kidney Development Database	<a href="http://www.ana.ed.ac.uk/anatomy/database/kidbase/kidhome.html">http://www.ana.ed.ac.uk/anatomy/database/kidbase/kidhome.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □
MAGEST	<a href="http://star.scl.kyoto-u.ac.jp/magest/">http://star.scl.kyoto-u.ac.jp/magest/</a>	□ □ □ □ □ Halocynthia roretzi □ □ □ □
MethDB	<a href="http://www.methdb.de/">http://www.methdb.de/</a>	DNA □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Mouse Atlas and Gene Expression Database	<a href="http://genex.hgu.mrc.ac.uk/">http://genex.hgu.mrc.ac.uk/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
READ	<a href="http://read.gsc.riken.go.jp/READ/">http://read.gsc.riken.go.jp/READ/</a>	RIKEN □ □ □ □ □ □ □ □
PEDB	<a href="http://chroma.mbt.washington.edu/PEDB/">http://chroma.mbt.washington.edu/PEDB/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
RECODE	<a href="http://recode.genetics.utah.edu/">http://recode.genetics.utah.edu/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □

□□□□□□□□

□□□□□

□□□□

Stanford  
Microarray  
Database

<http://genome-www.stanford.edu/microarray>

□□ DNA □□□  
□□□□□□□□  
□□□

TRIPLES

<http://ygac.med.yale.edu/triples/triples.htm>

□□□□□□□□  
□□□□□□□

Tooth  
Development  
Database

<http://bite-it.helsinki.fi/>

□□□□□□□□  
□

yMGV

<http://www.transcriptome.ens.fr/ymgv/>

□□□□□□□□  
□□□□

□□□□□□□□

AllGenes

<http://www.allgenes.org/>

□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□  
□□□

Ares Lab Intron  
Site

[http://www.cse.ucsc.edu/research/compbio/yeast\\_introns.html](http://www.cse.ucsc.edu/research/compbio/yeast_introns.html)

□□□□□□□□  
□□□□□□

AsMamDB

<http://166.111.30.65/ASMAMDB.html>

□□□□□□□□  
□□□□□□

COMPEL

<http://compel.bionet.nsc.ru/>

□□□□□□

CUTG

<http://www.kazusa.or.jp/codon/>

□□□□□□

DBTBS

<http://elmo.ims.u-tokyo.ac.jp/dbtbs/>

□□□□□□□□  
□□□□

DBTSS

<http://elmo.ims.u-tokyo.ac.jp/dbtss/>

□□□□□□

EID

<http://mcb.harvard.edu/gilbert/EID/>

□□□□□□□□  
□

EPD

<http://www.epd.isb-sib.ch/>

□□□□ POL II□  
□□□□□□□□  
□□□□□□

ExInt

<http://intron.bic.nus.edu.sg/exint/exint.html>

□□□□□□□□  
□□□□

HUNT

<http://www.hri.co.jp/HUNT>

□□□□□□□□  
cDNA □□

FUGOID

<http://wnt.cc.utexas.edu/~ifmr530/introndata/main.htm>

□□□□□□□□  
□□□□□□

Gene Resource  
Locator

<http://grl.gi.k.u-tokyo.ac.jp/>

□□□□□□□□  
□□□ ESTs

HS3D

<http://www.sci.unisannio.it/docenti/rampone/>

□□□□□□□□  
□□□□□

HvrBase

<http://www.hvrbase.org/>

□□□ mtDNA □  
□□□□

IDB/IEDB

<http://nutmeg.bio.indiana.edu/intron/index.html>

□□□□□□□□

□ □ □ □ □ □ □ □	□ □ □ □ □	□ □ □ □
PALSDb	<a href="http://palsdb.ym.edu.tw/">http://palsdb.ym.edu.tw/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □
PLACE	<a href="http://www.dna.affrc.go.jp/htdocs/PLACE">http://www.dna.affrc.go.jp/htdocs/PLACE</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □
PlantCARE	<a href="http://sphinx.rug.ac.be:8080/PlantCARE/index.htm">http://sphinx.rug.ac.be:8080/PlantCARE/index.htm</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □
PromEC	<a href="http://bioinfo.md.huji.ac.il/marg/promec">http://bioinfo.md.huji.ac.il/marg/promec</a>	□ □ □ □ mRNA □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
RRNDB	<a href="http://rrndb.cme.msu.edu/">http://rrndb.cme.msu.edu/</a>	□ □ □ □ □ RNA □ □ □ □ □ □
STRBase	<a href="http://www.cstl.nist.gov/div831/strbase/">http://www.cstl.nist.gov/div831/strbase/</a>	DNA □ □ □ □ □ □ □
TransCOMPEL	<a href="http://compel.bionet.nsc.ru/FunSite/CompelPatternSearch.html">http://compel.bionet.nsc.ru/FunSite/CompelPatternSearch.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
SpliceDB	<a href="http://genomic.sanger.ac.uk/spldb/SpliceDB.html">http://genomic.sanger.ac.uk/spldb/SpliceDB.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
TRRD	<a href="http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/dbases/trrd4">http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/dbases/trrd4</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □
TransTerm	<a href="http://uther.otago.ac.nz/Transterm.html">http://uther.otago.ac.nz/Transterm.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
VIDA	<a href="http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/virus...database/VIDA.html">http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/virus...database/VIDA.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □
WormBase	<a href="http://www.wormbase.org/">http://www.wormbase.org/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □
YIDB	<a href="http://www.EMBL-Heidelberg.DE/ExternalInfo/seraphin/yidb.html">http://www.EMBL-Heidelberg.DE/ExternalInfo/seraphin/yidb.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
rSNP Guide	<a href="http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/systems/rsnp/">http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/systems/rsnp/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
□ □ □ □ □ □ □ □ □		
DRESH	<a href="http://www.tigem.it/LOCAL/drosophila/dros.html">http://www.tigem.it/LOCAL/drosophila/dros.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ cDNA □ □
G3-RH	<a href="http://www-shgc.stanford.edu/RH/">http://www-shgc.stanford.edu/RH/</a>	□ □ □ □ □ G3 □ TNG □ □ □ □ □ □
GB4-RH	<a href="http://www.sanger.ac.uk/Software/Rhserver/Rhservers.html">http://www.sanger.ac.uk/Software/Rhserver/Rhservers.html</a>	Genebridge4 (GB4) □ □ □ □ □ □ □ □
GDB	<a href="http://www.gdb.org/">http://www.gdb.org/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □
GenAtlas	<a href="http://www.citi2.fr/GENATLAS/">http://www.citi2.fr/GENATLAS/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □
GenMapDB	<a href="http://genomics.med.upenn.edu/genmapdb">http://genomics.med.upenn.edu/genmapdb</a>	□ □ □ □ □ □ BAC

□□□□□□□□

□□□□□□

□□□□□

GeneMap '99

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genemap/>□□□□□□□□  
□□□□□□

HuGeMap

<http://www.infobiogen.fr/services/Hugemap>□□□□□□□□  
□□□□□□

IXDB

<http://ixdb.mpimg-berlin-dahlem.mpg.de/>□□□□□ X□□  
□□□

RHdb

<http://www.ebi.ac.uk/RHdb>

□□□□□□□□

□□□□□□

ACeDB

<http://www.sanger.ac.uk/Software/Acedb/>□□□□□□□□  
□□□□□□□□  
□□□

AMMtDB

[http://bio-www.ba.cnr.it:8000/BioWWW/  
#AMMTDB](http://bio-www.ba.cnr.it:8000/BioWWW/#AMMTDB)□□□□□□□□  
DNA□□Arabidopsis  
Information  
Resource  
(TAIR)<http://www.arabidopsis.org/>

□□□□□□

ArkDB

[http://www.thearkdb.org/genome\\_\\_mapping.  
html](http://www.thearkdb.org/genome__mapping.html)□□□□□□□□  
□□Celera Discovery  
System<http://www.celera.com/genomics/academic/>□□□□□□□□  
□□□□□□Comprehensive  
Microbial  
Resource[http://www.tigr.org/tigr-scripts/CMR2/  
CMRHomePage.spl](http://www.tigr.org/tigr-scripts/CMR2/CMRHomePage.spl)□□□□□□□□  
□□□□

CropNet

<http://ukcrop.net/>□□□□□□□□  
□

CyanoBase

<http://www.kazusa.or.jp/cyano/>Synechocystis sp. □  
□□Dictyostelium  
Genome  
Sequencing  
Project<http://dictygenome.bcm.tmc.edu/>Dictyostelium □□  
□□□

EcoGene

<http://bmb.med.miami.edu/EcoGene/EcoWeb/>□□□□ K-12 □  
□

EMGlib

<http://pbil.univ-lyon1.fr/emglib/emglib.html>□□□□□□□□□□  
□□□□□□□□  
□

FANTOM2

<http://fantom.gsc.riken.go.jp/fantom2/doc/>RIKEN □□□□□  
□□□□□ □□  
cDNA □□□□□  
□□□

FlyBase

<http://www.fruitfly.org/>□□□□□□□□  
□□

□ □ □ □ □ □ □ □		□ □ □ □ □	□ □ □ □
Full-Malaria	<a href="http://133.11.149.55/">http://133.11.149.55/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ cDNA □ □
GOBASE	<a href="http://megasun.bch.umontreal.ca/gobase/gobase.html">http://megasun.bch.umontreal.ca/gobase/gobase.html</a>		□ □ □ □ □ □ □ □
GOLD	<a href="http://igweb.integratedgenomics.com/GOLD/">http://igweb.integratedgenomics.com/GOLD/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
HERV	<a href="http://herv.img.cas.cz/">http://herv.img.cas.cz/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □
HIV Sequence Database	<a href="http://hiv-web.lanl.gov/">http://hiv-web.lanl.gov/</a>		HIV RNA □ □
HOWDY	<a href="http://gdb.tokyo.jst.go.jp/HOWDY">http://gdb.tokyo.jst.go.jp/HOWDY</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Human BAC Ends Database	<a href="http://www.tigr.org/tdb/humgen/bac_end_search/bac_end_intro.html">http://www.tigr.org/tdb/humgen/bac_end_search/bac_end_intro.html</a>		□ □ □ □ □ □ BAC □ □ □ □ □ □
ICB	<a href="http://www.mbio.co.jp/icb">http://www.mbio.co.jp/icb</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
INE	<a href="http://rgp.dna.affrc.go.jp/giot/INE.html">http://rgp.dna.affrc.go.jp/giot/INE.html</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
MagnaportheDB	<a href="http://www.cals.ncsu.edu/fungal_genomics/mgdatabase/int.htm">http://www.cals.ncsu.edu/fungal_genomics/mgdatabase/int.htm</a>		□ □ □ □ □ □ □ Magnaporthe grisea □ □ □ □ □ □ □ □
MatDB	<a href="http://mips.gsf.de/proj/thal/db/">http://mips.gsf.de/proj/thal/db/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □
Medicago Genome Initiative (MGI)	<a href="https://xgi.ncgr.org/mgi">https://xgi.ncgr.org/mgi</a>		□ □ □ □ □ □ Medicago □ ESTs, □ □ □ □ □ □ □ □ □
MITOMAP	<a href="http://www.gen.emory.edu/mitomap.html">http://www.gen.emory.edu/mitomap.html</a>		□ □ □ □ □ □ □
MITOP	<a href="http://websvr.mips.biochem.mpg.de/proj/medgen/mitop">http://websvr.mips.biochem.mpg.de/proj/medgen/mitop</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □
Mendel Database	<a href="http://jio6.jic.bbsrc.ac.uk/">http://jio6.jic.bbsrc.ac.uk/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ EST □ STS □ □ □
MitBASE	<a href="http://www3.ebi.ac.uk/Research/Mitbase/mitbase.pl">http://www3.ebi.ac.uk/Research/Mitbase/mitbase.pl</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
MitoDat	<a href="http://www-lecb.ncifcrf.gov/mitoDat/">http://www-lecb.ncifcrf.gov/mitoDat/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
MitoNuc/MitoAln	<a href="http://bio-www.ba.cnr.it/8000/srs6/">http://bio-www.ba.cnr.it/8000/srs6/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Mouse Genome Database (MGD)	<a href="http://www.informatics.jax.org/">http://www.informatics.jax.org/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □

□□□□□□□□	□□□□□	□□□□
Munich Information Center for Protein Sequences (MIPS)	<a href="http://www.mips.biochem.mpg.de/">http://www.mips.biochem.mpg.de/</a>	□□□□□□□□
NRSub	<a href="http://pbil.univ-lyon1.fr/nrsub/nrsub.html">http://pbil.univ-lyon1.fr/nrsub/nrsub.html</a>	<i>B. subtilis</i> □□□
Oryzabase	<a href="http://www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase/">http://www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase/</a>	□□□□□□□□ □□
PlasmoDB	<a href="http://plasmodb.org/">http://plasmodb.org/</a>	□□□□□□□
Phytophthora Genome Consortium Database	<a href="https://xgi.ncgr.org/pgc">https://xgi.ncgr.org/pgc</a>	Phytophthora infestans □ Phytophthora sojae □ ESTs
Proteome BioKnowledge Library	<a href="http://www.proteome.com/">http://www.proteome.com/</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□□
Rat Genome Database	<a href="http://rgd.mcw.edu/">http://rgd.mcw.edu/</a>	□□□□□□□□ □□□□
RiceGAAS	<a href="http://RiceGaas.dna.affrc.go.jp/">http://RiceGaas.dna.affrc.go.jp/</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□□
RsGDB	<a href="http://www-mmg.med.uth.tmc.edu/sphaeroides">http://www-mmg.med.uth.tmc.edu/sphaeroides</a>	Rhodobacter sphaeroides □□□
Saccharomyces Genome Database (SGD)	<a href="http://genome-www.stanford.edu/Saccharomyces">http://genome-www.stanford.edu/Saccharomyces</a>	□□□□□□□□
SubtiList	<a href="http://genolist.pasteur.fr/SubtiList/">http://genolist.pasteur.fr/SubtiList/</a>	<i>B. subtilis</i> 168 □□ □
TIGR Microbial Database	<a href="http://www.tigr.org/tdb/mdb/mdbcomplete.html">http://www.tigr.org/tdb/mdb/mdbcomplete.html</a>	□□□□□□□□ □□
The Arabidopsis Information Resource (TAIR)	<a href="http://www.arabidopsis.org/">http://www.arabidopsis.org/</a>	□□□□□□□
Wanda	<a href="http://www.evolutionsbiologie.uni-konstanz.de/Wanda/">http://www.evolutionsbiologie.uni-konstanz.de/Wanda/</a>	□□□□□□□□
WILMA	<a href="http://www.came.sbg.ac.at/wilma/">http://www.came.sbg.ac.at/wilma/</a>	<i>C. elegans</i> □□
ZFIN	<a href="http://www.zfin.org/">http://www.zfin.org/</a>	□□□□□□□
ZmDB	<a href="http://zmdb.iastate.edu/">http://zmdb.iastate.edu/</a>	□□□□□
□□□□□□□□		
Biomolecular Interaction Network Database (BIND)	<a href="http://binddb.org/">http://binddb.org/</a>	□□□□□□□□□□ □□□□□□□□



□ □ □ □ □ □ □ □

□ □ □ □ □

□ □ □ □

DIP	<a href="http://dip.doe-mbi.ucla.edu/">http://dip.doe-mbi.ucla.edu/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □
DPInteract	<a href="http://arep.med.harvard.edu/dpinteract/">http://arep.med.harvard.edu/dpinteract/</a>	□ □ □ □ DNA □ □ □ □ □ □ □
Database of Ribosomal Crosslinks (DRC)	<a href="http://www.mpimg-berlin-dahlem.mpg.de/~ag_ribo/ag_brimacombe/drc/">http://www.mpimg-berlin-dahlem.mpg.de/~ag_ribo/ag_brimacombe/drc/</a>	□ □ □ □ □ □ □
MHC-Peptide Interaction Database □ □ □ □ □ □ □ □ □	<a href="http://surya.bic.nus.edu.sg/mpid">http://surya.bic.nus.edu.sg/mpid</a>	MHC I □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
ENZYME	<a href="http://www.expasy.ch/enzyme/">http://www.expasy.ch/enzyme/</a>	□ □ □ □ □ □
EcoCyc	<a href="http://ecocyc.pangeasystems.com/ecocyc/">http://ecocyc.pangeasystems.com/ecocyc/</a>	□ □ □ □ □ K-12 □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
EpoDB	<a href="http://www.cbil.upenn.edu/EpoDB/">http://www.cbil.upenn.edu/EpoDB/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
FlyNets	<a href="http://gifts.univ-mrs.fr/FlyNets/FlyNets_home_page.html">http://gifts.univ-mrs.fr/FlyNets/FlyNets_home_page.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □
GeneNet	<a href="http://www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/systems/genenet/">http://www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/systems/genenet/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Klotho	<a href="http://www.ibc.wustl.edu/klotho/">http://www.ibc.wustl.edu/klotho/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG)	<a href="http://www.genome.ad.jp/kegg">http://www.genome.ad.jp/kegg</a>	□ □ □ □ □ □ □ □
LIGAND	<a href="http://www.genome.ad.jp/dbget/ligand.html">http://www.genome.ad.jp/dbget/ligand.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □
MetaCyc	<a href="http://ecocyc.org/">http://ecocyc.org/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
PathDB	<a href="http://www.ncgr.org/pathdb">http://www.ncgr.org/pathdb</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
RegulonDB	<a href="http://www.cifn.unam.mx/Computational_Biology/regulondb/">http://www.cifn.unam.mx/Computational_Biology/regulondb/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
UM-BBD	<a href="http://www.labmed.umn.edu/umbdd/">http://www.labmed.umn.edu/umbdd/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
WIT2	<a href="http://wit.mcs.anl.gov/WIT2/">http://wit.mcs.anl.gov/WIT2/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

□□□□□□□

□□□□□

□□□□

□□□□□

16S and 23S Ribosomal RNA Mutation Databases <http://ribosome.fandm.edu/>

16S, 23S RNA □□□□

ALFRED <http://alfred.med.yale.edu/alfred/index.asp>

□□□□□□□  
DNA□□□

Androgen Receptor Gene Mutations Database <http://www.mcgill.ca/androgendb/>

□□□□□□□□  
□□

Asthma Gene Database <http://cooke.gsf.de/asthmagen/main.cfm>

□□□□□□□□  
□□□□□□□□

Asthma and Allergy Database <http://cooke.gsf.de/asthmagen/main.cfm>

□□□□□□□□  
□□□□□□□□

Atlas of Genetics and Cytogenetics in Oncology and Haematology <http://www.infobiogen.fr/services/chromcancer/>

□□□□□□□

BTKbase <http://www.uta.fi/laikokset/imt/bioinfo/BTKbase/>

X□□□□□□□  
□□□□□□□□  
□

CASRDB <http://data.mch.mcgill.ca/casrdb/>

□□□□□□□□  
□□□□□□□□  
□□□□□□□□  
□□□□□□□□  
□□□□□□□□  
□□□□□□□□

Cytokine Gene Polymorphism Database <http://www.pam.bris.ac.uk/services/GAI/cytokine4.htm>

□□□□□□□□  
□□□□□□□□  
□□□□

Database of Germline Mutations p53 [http://www.lf2.cuni.cz/win/projects/germline\\_mut\\_p53.htm](http://www.lf2.cuni.cz/win/projects/germline_mut_p53.htm)

□□□□□□□□  
p53□□□□

dbSNP <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/SNP/>

□□□□□□□□

DT40 <http://genetics.hpi.uni-hamburg.de/dt40.html>

□DT40 B□□□  
□□□□□

FLAGdb/FST <http://genoplante-info.infobiogen.fr/>

□□□T-DNA□  
□□

GRAP Mutant Databases <http://tinyGRAP.uit.no/GRAP/>

□□□G□□□□  
□□□□

jSNP <http://snp.ims.u-tokyo.ac.jp/>

□□□□□□□□  
□□□□

□ □ □ □ □ □ □ □		□ □ □ □ □	□ □ □ □
HGVbase	<a href="http://hgvdbase.cgr.ki.se/">http://hgvdbase.cgr.ki.se/</a>		□ □ □ □ □ □ □
HIV-RT	<a href="http://hivdb.stanford.edu/hiv/">http://hivdb.stanford.edu/hiv/</a>		<b>HIV</b> □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Haemophila Mutation Database	<a href="http://www.umds.ac.uk/molgen/haemBdatabase.htm">http://www.umds.ac.uk/molgen/haemBdatabase.htm</a>		□ □ IX □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Human Gene Mutation Database (HGMD)	<a href="http://www.uwcm.ac.uk/uwcm/mg/hgmd0.html">http://www.uwcm.ac.uk/uwcm/mg/hgmd0.html</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Human PAX2 Allelic Variant Database	<a href="http://www.hgu.mrc.ac.uk/Softdata/PAX2/">http://www.hgu.mrc.ac.uk/Softdata/PAX2/</a>		□ PAX2 □ □ □ □ □ □
Human PAX6 Allelic Variant Database	<a href="http://www.hgu.mrc.ac.uk/Softdata/PAX6/">http://www.hgu.mrc.ac.uk/Softdata/PAX6/</a>		□ PAX6 □ □ □ □ □ □
Human Type I and Type III Collagen Mutation Database	<a href="http://www.le.ac.uk/genetics/collagen/">http://www.le.ac.uk/genetics/collagen/</a>		□ I □ □ III □ □ □ □ □ □ □ □
HvrBase	<a href="http://db.eva.mpg.de/Hvrbase/">http://db.eva.mpg.de/Hvrbase/</a>		□ □ □ mtRNA □ □ □ □ □
KMDB	<a href="http://mutview.dmb.med.keio.ac.jp/mutview3/kmeyedb/index.html">http://mutview.dmb.med.keio.ac.jp/mutview3/kmeyedb/index.html</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □
KinMutBase	<a href="http://www.uta.fi/imt/bioinfo/KinMutBase/">http://www.uta.fi/imt/bioinfo/KinMutBase/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □
MmtDB	<a href="http://www.ba.cnr.it/~aream08/MmtDBWWW.htm">http://www.ba.cnr.it/~aream08/MmtDBWWW.htm</a>		□ □ □ □ □ □ □ DNA □ □ □ □ □ □ □
Mutation Spectra Database	<a href="http://info.med.yale.edu/mutbase/">http://info.med.yale.edu/mutbase/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
NCL Mutations	<a href="http://www.ucl.ac.uk/ncl/">http://www.ucl.ac.uk/ncl/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ (NCL) □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Online Mendelian Inheritance in Man	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Omim/">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Omim/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
PAHdb	<a href="http://www.mcgill.ca/pahdb/">http://www.mcgill.ca/pahdb/</a>		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
PHExdb	<a href="http://data.mch.mcgill.ca/phexdb">http://data.mch.mcgill.ca/phexdb</a>		□ □ X □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ PHEx □ □ □ □

□□□□□□□□		□□□□□	□□□□□
PMD		<a href="http://pmd.ddbj.nig.ac.jp/">http://pmd.ddbj.nig.ac.jp/</a>	□□□□□□□□
PTCH1 Mutation Database		<a href="http://www.cybergene.se/PTCH/ptchbase.html">http://www.cybergene.se/PTCH/ptchbase.html</a>	PTCH1□□□□□□ □□□□□□
RB1 Gene Mutation Database		<a href="http://www.d-lohmann.de/Rb/">http://www.d-lohmann.de/Rb/</a>	□ RB1□□□□□
Ribosomal RNA Mutational Database		<a href="http://ribosome.fandm.edu/">http://ribosome.fandm.edu/</a>	16S□ 23S□□□ RNA□□□□□
SV40 Large T-Antigen Mutant Database		<a href="http://bigdaddy.bio.pitt.edu/SV40/">http://bigdaddy.bio.pitt.edu/SV40/</a>	SV40□ T□□□□ □□□□□
iARC p53 Database		<a href="http://www.iarc.fr/p53/">http://www.iarc.fr/p53/</a>	□□□□□□ p53 □□□□□□□□ □□
p53 Databases		<a href="http://metalab.unc.edu/dnam/mainpage.html">http://metalab.unc.edu/dnam/mainpage.html</a>	□ p53□ hprt□□ □□□□□□□□□□ □□ lacI□ lacZ□ □
□□□			
AngioDB		<a href="http://angiodb.snu.ac.kr/">http://angiodb.snu.ac.kr/</a>	□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
FIMM		<a href="http://sdmc.krdl.org.sg:8080/fimm/">http://sdmc.krdl.org.sg:8080/fimm/</a>	□□□□□□□□□□ □
HCForum		<a href="http://hcforum.imag.fr/welcome__eng.html">http://hcforum.imag.fr/welcome__eng.html</a>	□□□□□□□□□□ □□
IDR		<a href="http://www.uta.fi/imt/bioinfo/idr/">http://www.uta.fi/imt/bioinfo/idr/</a>	□□□□□□□□
Mouse Tumor Biology Database (MTB)		<a href="http://tumor.informatics.jax.org/">http://tumor.informatics.jax.org/</a>	□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□
Oral Cancer Gene Database		<a href="http://www.tumor-gene.org/Oral/oral.html">http://www.tumor-gene.org/Oral/oral.html</a>	□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□
PEDB		<a href="http://chroma.mbt.washington.edu/PEDB/">http://chroma.mbt.washington.edu/PEDB/</a>	□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ cDNA□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□
Tumor Gene Family Databases (TGDBs)		<a href="http://www.tumor-gene.org/tgdf.html">http://www.tumor-gene.org/tgdf.html</a>	□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□
□□□□□□□			
AARSDB		<a href="http://rose.man.poznan.pl/aars/index.html">http://rose.man.poznan.pl/aars/index.html</a>	tRNA□□□□□□ □□

□□□□□□□□	□□□□□	□□□□
ABCdb	<a href="http://ir2lcb.cnrs-mrs.fr/ABCdb/">http://ir2lcb.cnrs-mrs.fr/ABCdb/</a>	ATP□□□□□ □□□□□
AraC/XylS database	<a href="http://www.arac-xyls.org/">http://www.arac-xyls.org/</a>	□□□ AraC/XylS □□□□□□□□
ASPD	<a href="http://www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/aspd">http://www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/aspd</a>	□□□□□□□□ □
BRENDA	<a href="http://www.brenda.uni-koeln.de/">http://www.brenda.uni-koeln.de/</a>	□□□□□□□
CSDBase	<a href="http://www.chemie.uni-marburg.de/~csdbase">http://www.chemie.uni-marburg.de/~csdbase</a>	□□□□□□□□ □□□
DatA	<a href="http://luggagefast.Stanford.EDU/group/arabprotein/">http://luggagefast.Stanford.EDU/group/arabprotein/</a>	□□□□□□□□ □□□
DExH/D Family Database	<a href="http://www.columbia.edu/~ej67/dbhome.htm">http://www.columbia.edu/~ej67/dbhome.htm</a>	DEAD-box, DEAH-box□ DexH-box □ □
ESTHER	<a href="http://www.ensam.inra.fr/cholinesterase/">http://www.ensam.inra.fr/cholinesterase/</a>	□□□ α/β □□□ □□□□□
Endogenous GPCR List	<a href="http://www.biomedcomp.com/GPCR.html">http://www.biomedcomp.com/GPCR.html</a>	G□□□□□□□□ □□□□□□□□
FUNPEP	<a href="http://www.gpcr.org/FUNPEP/db">http://www.gpcr.org/FUNPEP/db</a>	□□□□□□□□ □□□□□□
EXProt	<a href="http://www.cmbi.nl/exprot">http://www.cmbi.nl/exprot</a>	□□□□□□□□ □
GPCRDB	<a href="http://swift.embl-heidelberg.de/7tm/">http://swift.embl-heidelberg.de/7tm/</a>	G□□□□□□□
GenProtEC	<a href="http://genprotec.mbl.edu/">http://genprotec.mbl.edu/</a>	□□□□ K-12 □ □□□□□□□□ □□□
HIV Molecular Immunology Database	<a href="http://hiv-web.lanl.gov/immunology/">http://hiv-web.lanl.gov/immunology/</a>	HIV□□
HUGE	<a href="http://www.kazusa.or.jp/huge/">http://www.kazusa.or.jp/huge/</a>	□□□□□□□□ 50KD□□ cDNA □ □
Histone Database	<a href="http://genome.nhgri.nih.gov/histones/">http://genome.nhgri.nih.gov/histones/</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□
Homeobox Page	<a href="http://copan.bioz.unibas.ch/homeo.html">http://copan.bioz.unibas.ch/homeo.html</a>	□ Homeobox □□ □□□□□□□□ □□
Homeodomain Resource	<a href="http://genome.nhgri.nih.gov/homeodomain">http://genome.nhgri.nih.gov/homeodomain</a>	Homeodomain □ □□□□□□□□ □□□□□□□

□□□□□□□□	□□□□□	□□□□□
IMGT	<a href="http://imgt.cines.fr:8104/">http://imgt.cines.fr:8104/</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□□T□ □□□□ MHC□ □
IMGT/HLA	<a href="http://www.ebi.ac.uk/imgt/hla/">http://www.ebi.ac.uk/imgt/hla/</a>	□□□□□□□□ □□□□
InBase	<a href="http://www.neb.com/neb/inteins.html">http://www.neb.com/neb/inteins.html</a>	Intervening □□□ □□ inteins□□□□
Kabat Database	<a href="http://immuno.bme.nwu.edu/">http://immuno.bme.nwu.edu/</a>	□□□□□□□□ □□
LGICdb	<a href="http://www.pasteur.fr/recherche/banques/LGIC/LGIC.html">http://www.pasteur.fr/recherche/banques/LGIC/LGIC.html</a>	□□□□□□□□ □□□□□
MEROPS	<a href="http://www.merops.co.uk/">http://www.merops.co.uk/</a>	□□□□□□□□ □□□□
MHCPEP	<a href="http://wehih.wehi.edu.au/mhcpep/">http://wehih.wehi.edu.au/mhcpep/</a>	MHC□□□
Membrane Protein Database	<a href="http://biophys.bio.tuat.ac.jp/ohshima/database/">http://biophys.bio.tuat.ac.jp/ohshima/database/</a>	□□□□□□□□ □□□
MetaFam	<a href="http://metafam.ahc.umn.edu/">http://metafam.ahc.umn.edu/</a>	□□□□□□□□
MHCBN	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/mhcbn/">http://www.imtech.res.in/raghava/mhcbn/</a>	MHC□□□□□□ □□□
Nuclear Receptor Resource	<a href="http://nrr.georgetown.edu/nrr/nrr.html">http://nrr.georgetown.edu/nrr/nrr.html</a>	□□□□□□□
NUREBASE	<a href="http://www.ens-lyon.fr/LBMC/laudet/nurebase.html">http://www.ens-lyon.fr/LBMC/laudet/nurebase.html</a>	□□□□□□□
Olfactory Receptor Database	<a href="http://ycmi.med.yale.edu/senselab/ordb/">http://ycmi.med.yale.edu/senselab/ordb/</a>	□□□□□□□□ □
ooTFD	<a href="http://www.ifti.org/">http://www.ifti.org/</a>	□□□□□□□□ □
PKR	<a href="http://pkr.sdsc.edu/">http://pkr.sdsc.edu/</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□
PPMdb	<a href="http://sphinx.rug.ac.be:8080/ppmdb/index.html">http://sphinx.rug.ac.be:8080/ppmdb/index.html</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□□
PROMISE	<a href="http://bioinf.leeds.ac.uk/promise/">http://bioinf.leeds.ac.uk/promise/</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□□
Peptaibol	<a href="http://www.cryst.bbk.ac.uk/peptaibol/welcome.html">http://www.cryst.bbk.ac.uk/peptaibol/welcome.html</a>	□□□□□□□□
PhosphoBase	<a href="http://www.cbs.dtu.dk/databases/PhosphoBase/">http://www.cbs.dtu.dk/databases/PhosphoBase/</a>	□□□□□□□□
PLANT-PIs	<a href="http://bizhost.area.ba.cnr.it/PLANT-PIs/">http://bizhost.area.ba.cnr.it/PLANT-PIs/</a>	□□□□□□□□

□□□□□□□□	□□□□□	□□□□□
PlantsP	<a href="http://plantsp.sdsc.edu/">http://plantsp.sdsc.edu/</a>	□□□□□□□□ □□□□
Prolysis	<a href="http://delphi.phys.univ-tours.fr/Prolysis/">http://delphi.phys.univ-tours.fr/Prolysis/</a>	□□□□□□□□□□ □□□□□□□□
Protein Information Resource(PIR)	<a href="http://pir.georgetown.edu/">http://pir.georgetown.edu/</a>	□□□□□□□□□□ □□□□□□□□
Ribonuclease P Database	<a href="http://www.mbio.ncsu.edu/RNaseP/home.html">http://www.mbio.ncsu.edu/RNaseP/home.html</a>	Rnase P □□□□□ □□□□
SENTRA	<a href="http://wit.mcs.anl.gov/WIT2/Sentra/HTML/sentra.html">http://wit.mcs.anl.gov/WIT2/Sentra/HTML/sentra.html</a>	□□□□□□□□□□
S/MARt db	<a href="http://transfac.gbf.de/SMARtDB/">http://transfac.gbf.de/SMARtDB/</a>	Scaffold/matrix □ □□
SWISS-PROT /TrEMBL	<a href="http://www.expasy.ch/sprot">http://www.expasy.ch/sprot</a>	□□□□□□
TIGRFAMs	<a href="http://www.tigr.org/TIGRFAMs">http://www.tigr.org/TIGRFAMs</a>	□□□□□□□□□□ □□□□□□
TRANSFAC	<a href="http://transfac.gbf.de/TRANSFAC/index.html">http://transfac.gbf.de/TRANSFAC/index.html</a>	□□□□□□□□□□ □
VIDA	<a href="http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/virus_database/VIDA.html">http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/virus_database/VIDA.html</a>	□□□□□□□□□□ □
Wnt Database	<a href="http://www.stanford.edu/~mnusse/wntwindow.html">http://www.stanford.edu/~mnusse/wntwindow.html</a>	Wnt □□□□□□
trEST, trGEN and Hits □□□□□□□□	<a href="http://hits.isb/-sib.ch">http://hits.isb/-sib.ch</a>	□□□□□□□□
BLOCKS	<a href="http://blocks.flhrc.org/">http://blocks.flhrc.org/</a>	□□□□□□□□□□ □□
CDD	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/cdd.shtml">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/cdd.shtml</a>	□□□□□□□□□□ □□□□
CluSTR	<a href="http://www.ebi.ac.uk/clustr/">http://www.ebi.ac.uk/clustr/</a>	SWISS-PROT + TrEMBL □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □
InterPro	<a href="http://www.ebi.ac.uk/interpro/">http://www.ebi.ac.uk/interpro/</a>	□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □
O-GLYCBASE	<a href="http://www.cbs.dtu.dk/databases/OGLYCBASE/">http://www.cbs.dtu.dk/databases/OGLYCBASE/</a>	□□□□□ O□□□□ □□□□□□
PIR-ALN	<a href="http://www-nbrf.georgetown.edu/pirwww/dbinfo/piraln.html">http://www-nbrf.georgetown.edu/pirwww/dbinfo/piraln.html</a>	□□□□□□□□
PRINTS	<a href="http://www.bioinf.man.ac.uk/dbbrowser/PRINTS/">http://www.bioinf.man.ac.uk/dbbrowser/PRINTS/</a>	□□□□□□□□□□

□ □ □ □ □ □ □ □

□ □ □ □ □

□ □ □ □

PROSITE	<a href="http://www.expasy.ch/prosite/">http://www.expasy.ch/prosite/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Pfam	<a href="http://www.sanger.ac.uk/Software/Pfam/">http://www.sanger.ac.uk/Software/Pfam/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
ProClass	<a href="http://pir.georgeown.edu/gfserver/proclass.html">http://pir.georgeown.edu/gfserver/proclass.html</a>	hidden Markov □ □ □ PIR □ □ □ □ PROSITE □ □ □ □ □ □ □ □ □
ProDom	<a href="http://www.toulouse.inra.fr/prodom.html">http://www.toulouse.inra.fr/prodom.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □
ProtoMap	<a href="http://www.protomap.cs.huji.ac.il/">http://www.protomap.cs.huji.ac.il/</a>	SWISS-PROT □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
SBASE	<a href="http://www3.icgeb.trieste.it/~sbasesrv/">http://www3.icgeb.trieste.it/~sbasesrv/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □
SMART	<a href="http://smart.embl-heidelberg.de/">http://smart.embl-heidelberg.de/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □
SUPFAM	<a href="http://pauling.mbu.isc.ernet.in/~supfam">http://pauling.mbu.isc.ernet.in/~supfam</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □
SYSTEMS	<a href="http://www.dkfz-heidelberg.de/tbi/services/cluster/systemsform">http://www.dkfz-heidelberg.de/tbi/services/cluster/systemsform</a>	□ □
eMOTIF	<a href="http://motif.stanford.edu/emotif">http://motif.stanford.edu/emotif</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
iPROCLASS	<a href="http://pir.georgetown.edu/iproclass/">http://pir.georgetown.edu/iproclass/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
□ □ □ □ □		
Aaindex	<a href="http://www.genome.ad.jp/dbget/">http://www.genome.ad.jp/dbget/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □
GELBANK	<a href="http://gelbank.anl.gov/">http://gelbank.anl.gov/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ 2D □ □ □ □ □ □
Human Proteome Survey Database	<a href="http://www.proteome.com/services">http://www.proteome.com/services</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Predictome	<a href="http://predictome.bu.edu/">http://predictome.bu.edu/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
Proteome Analysis Database	<a href="http://www.ebi.ac.uk/proteome/">http://www.ebi.ac.uk/proteome/</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ interpro □ clustr □ □ □ □ □
REBASE	<a href="http://rebase.neb.com/rebase/rebase.html">http://rebase.neb.com/rebase/rebase.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □
SWISS-2DPAGE	<a href="http://www.expasy.ch/ch2d/">http://www.expasy.ch/ch2d/</a>	□ □ □ □ 2 □ □ □ □ □ □ □ □
Yeast Proteome Database (YPD)	<a href="http://www.proteome.com/databases/index.html">http://www.proteome.com/databases/index.html</a>	□ □ □ □ □ □ □ □



□ □ □ □ □ □ □ □

□ □ □ □ □

□ □ □ □

YPL

<http://fstgal12.tu-graz.ac.at:7777/pls/al12/yp1.htm>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □

RNA 序列

16S and 23S  
rRNA Mutation  
Database<http://ribosome.fandm.edu/>16S □ 23S □ □ □  
RNA □ □ □ □ □5S Ribosomal  
RNA Database<http://biobases.ibch.poznan.pl/5SDData/>

5S rRNA □ □

ACTIVITY

<http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/systems/activity/>□ □ □ DNA/RNA  
□ □ □ □

ARED

<http://rc.kfshrc.edu.sa/>□ □ AU □ □ □ □  
□ mRNAsCollection of  
mRNA-like  
Noncoding RNAs<http://biobases.ibch.poznan.pl/ncRNA/>□ □ □ □ □ RNA  
□ □ □European Large  
Subunit  
Ribosomal RNA  
Database<http://trna.uia.ac.be/lsu/index.html>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ RNA  
□ □ □ □ □European Small  
Subunit  
Ribosomal RNA  
Database<http://trna.uia.ac.be/ssu/index.html>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ RNA  
□ □ □ □ □Guide RNA  
Database<http://www.biochem.mpg.de/~goeringe/>

Guide RNA □ □

HyPaLib

<http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/HyPa/>RNA □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □

Intronerator

<http://www.cse.ucsc.edu/~kent/intronerator/>□ □ RNA □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □  
briggsae □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □Non-Canonical  
Interactions in  
RNA[http://prion.bchs.uh.edu/bp\\_\\_type/](http://prion.bchs.uh.edu/bp__type/)□ □ RNA □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □  
□ □ □

PLMI tRNA

<http://bigarea.area.ba.cnr.it:8000/PLMI tRNA/>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ tRNA □ □  
□ □ □

Pseudobase

<http://wwwbio.leidenuniv.nl/~Batenburg/PKB.html>RNA □ □ □ □ □  
(pseudoknots) □ □

RISSC

<http://ulises.umh.es/RISSC>16S □ 23S □ □ □  
RNA □ □ □ □ □

□ □ □ □ □ □ □

□ □ □ □ □

□ □ □ □

RNA  
Modification  
Database<http://medlib.med.utah.edu/RNAmods/>

RNA □ □ □ □ □ □

Ribosomal  
Database Project  
(RDP)<http://rdp.cme.msu.edu/>rRNA □ □ □ □ □ □  
□ □

SELEXdb

<http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/systems/selex/>□ □ □ DNA/RNA  
□ □ □ □ □ □

SRPDB

<http://psyche.uthct.edu/dbs/SRPDB/SRPDB.html>□ □ □ □ □ □ □  
RNA □ □ □ □ □ □  
□ □Small RNA  
Database<http://mbcr.bcm.tmc.edu/smallRNA>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ RNA  
□ □The tmRNA  
Website<http://www.indiana.edu/~tmrna>tmRNA □ □ □ □ □  
□ □ □

UTRdb/UTRsite

<http://bigarea.area.ba.cnr.it:8000/EmbIT/UTRHome/>□ □ □ □ mRNA3'  
□ 5' □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □Viroids and  
viroid-like RNAs<http://nt.ars-grin.gov/subviral/>□ □ □ □ □ □ □ □  
RNAsYeast snoRNA  
Database[http://www.bio.umass.edu/biochem/rna-sequence/Yeast\\_snoRNA\\_Database/snoRNA\\_DataBase.html](http://www.bio.umass.edu/biochem/rna-sequence/Yeast_snoRNA_Database/snoRNA_DataBase.html)

□ □ □ □ □ RNAs

tRNA Sequences

<http://www.uni-bayreuth.de/departments/biochemie/trna/>tRNA □ tRNA □  
□ □ □

tmRDB

<http://psyche.uthct.edu/dbs/tmRDB/tmRDB.html>tmRNA □ 10Sa  
RNA □ □□ □ □ □ □ □ □  
□ □ □

KEYnet

<http://www.ba.cnr.it/keynet.html>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □

TESS

<http://www.cbil.upenn.edu/tess>

□ □ □ □ □ □ □ □

Virgil

<http://www.infobiogen.fr/services/virgil>

□ □ □ □ □ □ □

结构

ASTRAL

<http://astral.stanford.edu/>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □ -  
□ □ □ □ □ □ □ □

BioImage

<http://www-embl.bioimage.org/>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □

BioMagResBank

<http://www.bmrb.wisc.edu/>□ □ □ □ □ □ □ □  
NMR □ □ □ □ □  
□

□□□□□□□□	□□□□□	□□□□
CATH	<a href="http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/cath/">http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/cath/</a>	□□□□□□□□ □□□□
CE	<a href="http://cl.sdsc.edu/ce.html">http://cl.sdsc.edu/ce.html</a>	□□□□□ 3D □ □□□□□□□□
CKAAPs DB	<a href="http://cl.sdsc.edu/ckaap">http://cl.sdsc.edu/ckaap</a>	□□□□□□□□ □□□□□
CSD	<a href="http://www.ccdc.cam.ac.uk/prods/csd/csd.html">http://www.ccdc.cam.ac.uk/prods/csd/csd.html</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□
Database of Macromolecular Movements	<a href="http://bioinfo.mbb.yale.edu/MolMovDB/">http://bioinfo.mbb.yale.edu/MolMovDB/</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□□
Decoys 'R'Us	<a href="http://dd.stanford.edu/">http://dd.stanford.edu/</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□
DSDBASE	<a href="http://www.ncbs.res.in/~faculty/mini/dsdbase/dsdbase.html">http://www.ncbs.res.in/~faculty/mini/dsdbase/dsdbase.html</a>	□□□□□□□□ □□□□□□
GTOP	<a href="http://spock.genes.nig.ac.jp/~genome/gtop-j.html">http://spock.genes.nig.ac.jp/~genome/gtop-j.html</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□
HIC-Up	<a href="http://alpha2.bmc.uu.se/hicup/">http://alpha2.bmc.uu.se/hicup/</a>	□□□□□□□□ □□□
HSSP	<a href="http://www.sander.ebi.ac.uk/hssp/">http://www.sander.ebi.ac.uk/hssp/</a>	□□□□□□□□□ □□□□□□□□
IMB Jena Image Library of Biological Macromolecules	<a href="http://www.imb-jena.de/IMAGE.html">http://www.imb-jena.de/IMAGE.html</a>	□□□□□□□□ □□□□□□□□
ISSD	<a href="http://www.protein.bio.msu.su/issd/">http://www.protein.bio.msu.su/issd/</a>	□□□□□□□□ □
LPFC	<a href="http://www-smi.stanford.edu/projects/helix/LPFC/">http://www-smi.stanford.edu/projects/helix/LPFC/</a>	□□□□□□□□ □□
MMDB	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/</a>	□□□□□□□□ □□□□□□ NCBI Entrez □□
ModBase	<a href="http://pipe.rockefeller.edu/modbase">http://pipe.rockefeller.edu/modbase</a>	□□□□□□□□ □□□
NDB	<a href="http://ndbserver.rutgers.edu/NDB/ncb.html">http://ndbserver.rutgers.edu/NDB/ncb.html</a>	□□□□□□□□
NTDB	<a href="http://ntdb.chem.cuhk.edu.hk/">http://ntdb.chem.cuhk.edu.hk/</a>	□□□□□□□□
PALI	<a href="http://pauling.mbu.iisc.ernet.in/~pali">http://pauling.mbu.iisc.ernet.in/~pali</a>	□□□□□□□□ □□□□□

データベース名	URL	特徴
PDB	<a href="http://www.rcsb.org/pdb/">http://www.rcsb.org/pdb/</a>	X線結晶構造解析構造 NMR構造 膜タンパク質構造
PDB-REPRDB	<a href="http://www.rwcp.or.jp/papia/">http://www.rwcp.or.jp/papia/</a>	PDB構造の複製
PDBsum	<a href="http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/pdbsum">http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/pdbsum</a>	PDB構造のサマリー
PRESAGE	<a href="http://presage.berkeley.edu/">http://presage.berkeley.edu/</a>	タンパク質の構造予測
ProTherm	<a href="http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/protherm/protherm.html">http://www.rtc.riken.go.jp/jouhou/protherm/protherm.html</a>	タンパク質の熱安定性予測
RESID	<a href="http://www-nbrf.georgetown.edu/pirwww/dbinfo/resid.html">http://www-nbrf.georgetown.edu/pirwww/dbinfo/resid.html</a>	タンパク質の残基特性
SCOP	<a href="http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop/">http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop/</a>	タンパク質の構造分類
SCOR	<a href="http://scor.lbl.gov/">http://scor.lbl.gov/</a>	RNAの構造予測
SLoop	<a href="http://www-cryst.bioc.cam.ac.uk/~sloop/">http://www-cryst.bioc.cam.ac.uk/~sloop/</a>	タンパク質のループ構造
SUPERFAMILY	<a href="http://stash.mrc-lmb.cam.ac.uk/SUPERFAMILY/">http://stash.mrc-lmb.cam.ac.uk/SUPERFAMILY/</a>	タンパク質のスーパーファミリー
Cre Transgenic Database	<a href="http://www.mshri.on.ca/nagy/cre.htm">http://www.mshri.on.ca/nagy/cre.htm</a>	Cre遺伝子導入マウス
Transgenic/Targeted Mutation Database	<a href="http://tbase.jax.org/">http://tbase.jax.org/</a>	トランスジェニック/ターゲッティング変異データベース
BaliBASE	<a href="http://www-igbmc.u-strasbg.fr/BioInfo/BaliBASE2/index.html">http://www-igbmc.u-strasbg.fr/BioInfo/BaliBASE2/index.html</a>	タンパク質の構造比較
DBcat	<a href="http://www.infobiogen.fr/services/dbcat/">http://www.infobiogen.fr/services/dbcat/</a>	タンパク質のデータベース
DrugDB	<a href="http://pharminfo.com/drugdb/db_mnu.html">http://pharminfo.com/drugdb/db_mnu.html</a>	タンパク質と薬物の相互作用
END	<a href="http://www.ibt.wustl.edu/biognosis/agora_interface/html/agora_entrance.html">http://www.ibt.wustl.edu/biognosis/agora_interface/html/agora_entrance.html</a>	タンパク質の構造予測
Global Image Database	<a href="http://www.gwer.ch/qv/gid/gid.htm">http://www.gwer.ch/qv/gid/gid.htm</a>	タンパク質の構造イメージ
GlycoSuiteDB	<a href="http://www.glycosuite.com/">http://www.glycosuite.com/</a>	N-糖鎖の構造予測

□ □ □ □ □ □ □ □

□ □ □ □ □

□ □ □ □

HOX-PRO

<http://www.mssm.edu/molbio/hoxpro/new/hoxpro00.html>

Homeobox □ □ □

Imprinted Genes  
and Parent of  
Origin Effects<http://www.otago.ac.nz/IGC>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □LocusLink/  
RefSeq<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/LocusLink/>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □

MPDB

<http://www.biotech.ist.unige.it/interlab/mpdb.html>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □Molecular Probe  
Database<http://srs.ebi.ac.uk/>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ PCR □ □ □NCBI Taxonomy  
Browser<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/taxonomyhome.html>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □

PubMed

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/PubMed/>MEDLINE □ Pre-  
MEDLINE □ □ □  
□

PharmGKB

<http://pharmgkb.org/>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □

RIDOM

<http://www.ridom.de/>□ □ rRNA □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □

SWEET-DB

<http://www.dkfz-heidelberg.de/spec2/>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □Therapeutic  
Target Database<http://xin.cz3.nus.edu.sg/group/ttd/ttd.asp>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □

Tree of Life

<http://phylogeny.arizona.edu/tree/phylogeny.html>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □

Vectordb

<http://vectordb.atcg.com/>□ □ □ □ □ □ □ □  
□ □

VirOligo

<http://virologo.okstate.edu/>□ □ PCR □ □ □ □ □  
□ □ □ □ □ □ □ □  
□

□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

[illegible]

# 

A		C	
Alu	50	cDNA	42,114
$\alpha$ [ ]	35	Celera [ ]	142
[ ] [ ]	29	CLUSTALW	83,127
B		D	
BankIt	58	Coffee Break	65
Biolink	11	[ ] [ ] [ ] [ ]	17
BLAST	53,93	[ ] [ ] [ ]	42
BLAST2	97	[ ] [ ] [ ]	38
BLAST2.0	96	[ ] [ ]	38
BLASTn	95	dbEST	52,77
BLASTp	95	dbSTS	52,77
BLASTx	95	DNA	39
BLOSUM [ ] [ ]	94	DNAPLOT	81
BRITE	83	DNA [ ] [ ]	116,189
Brookhaven [ ] [ ] [ ] [ ]	77	[ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ]	
$\beta$ [ ] [ ]	35	(EcoCyc)	167
[ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ]		[ ] [ ] [ ]	28
	10	[ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ]	
[ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ]	44,144	(SCOP)	25
[ ] [ ] [ ] [ ]	138	[ ] [ ] [ ] [ ] [ ]	34
[ ] [ ] [ ] [ ] [ ] [ ] (EST)		[ ] [ ] [ ] [ ] (PDB)	25,51,77
	8, 52, 71, 73	[ ] [ ] [ ] [ ] [ ]	35
[ ] [ ] [ ] [ ]	17	[ ] [ ] [ ] [ ] (Proteome)	156

Proteomics)		Gene Expression Omnibus	65
	6, 156	Genes and disease	66
	114	GenomeNet	82
PCR (electronic PCR)	65	GSS	53
	114	GRAIL	84, 153
	183		17
	83, 127		
	132	high throughput genomic	
		sequence)	52
E			35, 37
E. coli	51, 52		166
Electronic PCR	65		182
EMBL	75		35
Entrez	53		30
EPD			
	52		
Euro Pat	99	HIV	173
EXPASY	162, 188	HMM (Hidden Markov	
E	98	Model)	15
	37	Human genome resources	67
2	128, 158	Human map viewer	67
		Human/mouse homology	
F		maps	67
FASTA	57, 99	(NMR)	77
	37		39
	133, 155		39
			17
G		DNA	42, 114
Gapped BLAST	96		
GenBank	46, 121	I	
GeneMap'98	141	IMGT	78



## J

Japan Pat	100
□ □ □ □ □	14
□ □	39,43
□ □ □ □ □(knockout)	165
□ □ □	111
□ □ □ □ □	133
□ □ □ □	6,111
□ □ □ □ □ □ (TIGR)	8
□ □ □ □ □ □ □ centralized database)	119
□ □ □ (gap)	95,96
□ □ □ □ □ □ □	165
□ □ □ □ □ □ □ □ □ □	
(YPD)	130,165
□ □ □	128
□ □ □	134
□ □ □	29
□ □ □ □	35
□ □ □ □ □ □ □ □	116
□ □ □ □ □ □ □	91
□ □ □	16,103

## K

Kabat	51,52
Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG)	85
□ □ □ □ ORF	128
□ □	112

## L

Lander-Waterman □ □	15, 151
L-α □ □ □	29
LIGAND	83
LIGM-DB	80
LocusLink	67
□ □ □	29,87
□ □ □ (centimorgan,cM)	137
□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □	10
□ □ □ □ □	35

## M

Malaria genetics & genomic	68
MHC/HLA-DB	80
Mito	52
MMDB	59
Month	51, 52
MOTIF	83, 93
□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □	
(NCBI)	48
□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ (NLM)	
	48
□ □ □ □ □ □ □	42

## N

Northern blot	113
---------------	-----

NR	51, 52	Reference sequence project	68	
	12	Retrovirus resources	69	
	185	RNA	39	
	42, 116		143	
	143		173	
	165		179	
			182	
			82	
			50, 140	
O		S		
ORF finder	129	Score	99	
OMIM	58	Serial analysis of gene expression	69	
	EBI	71	SKY/CGH database	70
P		SOSUI	85	
PAM	94	Structure	59	
PC	16	SWALL	99	
PowerBLAST	97	SWISS-2DPAGE	162	
PROSITE	103	SWISS-PROT	51, 76	
Protein Data Bank	51		172	
PSI-BLAST	97		179	
PSORT	84		15	
PubMed	53		134	
	15		2	
			40	
			46	
			35	
Q			30	
QT	184			
	36			
	89			
R				
Radiation hybrid	76			

T		□ □ □ □ □ □ □ □ □	132
Taxonomy	59	□ □ □ □	38
tBLASTn	96	□ □ □	128
tBLASTx	96	□ □ □ □	35
TFSEARCH	84	□ □ □ □ □ □	119,139
Trace archive	70	□ □ □ □ □ □ □ □ □	89
□ □	33	□ □ □ □	176
□ □	34	□ □ □ □	174
□ □ □ □ □	30	Y	
□ □ □ □	38	Yeast	51 □ 52
□ □ □ □ □ (paralogs)	149	□ □ □ □ □ □	136
□ □ □ □ □ (COGs)	64,148	□ □ □ □	40
U		□ □ □ □	7
UniGene	70	□ □ □ □ □ □ □ □ □ (ASA)	36
USPTO Pat	100	□ □ □ □	44
V		Z	
VecScreen	71	□ □ □ □	44
Vector	52	□ □ □	44
W		□ □ □ □ □ □ □	91
working draft	142	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □	10
□ □ □ □ □ □ URFs	128 □ 147	□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ Cancer	
□ □ □ □ □ False color		Genome Anatomy Project)	60
imaging)	181	□ □ □ □ □	165
□ □ □ □	138	□ □ □	113
X		□ □ □	133
X □ □ □ □ □ □ □	77		



11

$\frac{9}{10} = \frac{90}{100}$

到 2002 年 1 月 1 日，中国人口已突破 12 亿，达到 12.95 亿，人口总量居世界第一位。

[illegible][illegible]

“ ” . “ ”

☐ by ☐ ☐ the ☐ ☐

□ □ □ □ □ □ □ □ □ □

2002-02-02

□ □ □ □ □ e mail: wangzhe70@sohu.com)









